

PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11)Publication number : 10-276782

(43)Date of publication of application : 20.10.1998

(51)Int.Cl. C12N 15/09
 C07H 21/04
 C12N 1/19
 C12N 1/21
 C12N 5/10
 C12N 9/10
 //(C12N 15/09
 C12R 1:91)

(21)Application number : 09-083133

(71)Applicant : NISSHINBO IND INC
 HAYASHI TAKAHISA

(22)Date of filing : 01.04.1997

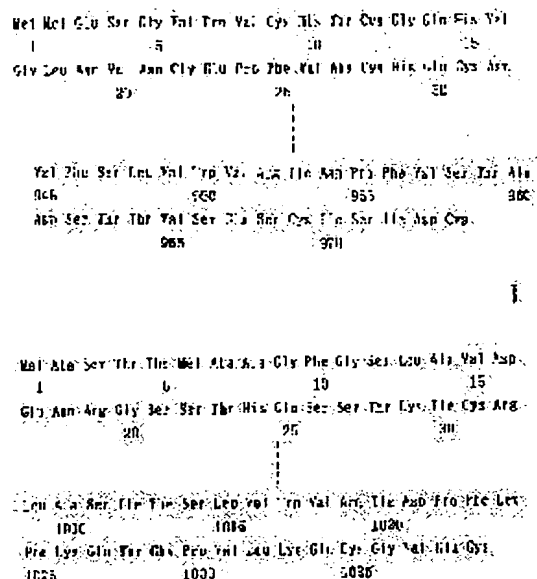
(72)Inventor : HASEGAWA OSAMU
 AOZUKA SATOSHI
 HAYASHI TAKAHISA
 IHARA YURI

(54) GENE FOR CELLULOSE-SYNTHESIZING ENZYME

(57)Abstract:

PROBLEM TO BE SOLVED: To obtain the subject new gene comprising a DNA encoding a protein containing a specific amino acid sequence and having a cellulose-synthesizing enzyme activity, and useful for being inserted into prokaryotic cells or eukaryotic cells to control the production of cellulose.

SOLUTION: This gene for an enzyme for synthesizing cellulose comprises a new DNA which encodes a protein comprising an amino acid sequence of formula I, formula II, etc., or an amino acid sequence of formula I, formula II, etc., in which one to several amino acids are deleted, replaced, inserted or added, and having the activity of a cellulose-synthesizing enzyme, and which encodes the cellulose-synthesizing enzyme originated from cotton (*Gossypium hirsutum*), and is useful for being inserted into prokaryotic cells or eukaryotic cells to control the production of cellulose. The DNA is obtained by separating a mRNA from the fiber cell of the cotton, making a cDNA library from the mRNA, screening the library with a probe having a sequence determined from a data base, and subsequently recovering the DNA from the positive clone.



II.

LEGAL STATUS

[Date of request for examination] 21.08.2001

[Date of sending the examiner's decision of rejection] 15.06.2004

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

[Date of registration]

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

THIS PAGE BLANK (USP)

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平 10 - 276782

(43) 公開日 平成 10 年 (1998) 10 月 20 日

(51) Int. Cl. °	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C12N 15/09	ZNA		C12N 15/00	ZNA A
C07H 21/04			C07H 21/04	B
C12N 1/19			C12N 1/19	
1/21			1/21	
5/10			9/10	

審査請求 未請求 請求項の数 4 O L (全 37 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願平 9 - 83133
(22) 出願日 平成 9 年 (1997) 4 月 1 日

(71) 出願人 000004374
日清紡績株式会社
東京都中央区日本橋人形町 2 丁目 3 1 番 1 号
(71) 出願人 597045055
林 隆久
京都府宇治市五ヶ庄官有地京都大学宿舍 5 4 4 号
(72) 発明者 長谷川 修
東京都足立区西新井栄町 1 - 18 - 1 日
清紡績株式会社東京研究センター内
(74) 代理人 弁理士 遠山 勉 (外 2 名)
0)

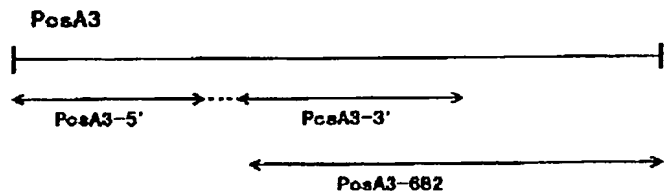
最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 セルロース合成酵素遺伝子

(57) 【要約】

【課題】 原核細胞及び真核細胞へ組み込んで、セルロースの生産を制御するために用いられるセルロース合成酵素遺伝子を提供する。

【解決手段】 以下の (A) ~ (C) のいずれかのタンパク質をコードする DNA。(A) 配列番号 2 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 2 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。(B) 配列番号 4 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 4 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。(C) 配列番号 8 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 8 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、及び、配列番号 11 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 11 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、を含み、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。



【特許請求の範囲】

【請求項 1】 以下の (A) ~ (C) のいずれかのタンパク質をコードする DNA。

(A) 配列番号 2 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 2 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

(B) 配列番号 4 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 4 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

(C) 配列番号 8 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 8 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、及び、配列番号 11 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 11 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、を含み、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の DNA の全部又は一部を含む組換えベクター。

【請求項 3】 請求項 1 記載の DNA で形質転換された形質転換細胞。

【請求項 4】 請求項 1 記載の DNA を細胞に導入し、請求項 1 記載の DNA と相同な塩基配列又は相補的な塩基配列を有する RNA を発現させることにより、前記細胞のセルロース合成を制御する方法。

【発明の詳細な説明】

【 0 0 0 1 】

【発明の属する技術分野】 本発明は、ワタ (*Gossypium hirsutum*) 由来のセルロース合成酵素をコードする DNA、これを含む組換え DNA、前記 DNA で形質転換された形質転換細胞、及び細胞のセルロース合成を制御する方法に関する。

【 0 0 0 2 】

【従来の技術】 セルロースは、紙、木質構造物、繊維、衣類、食品、化粧品、医療品としての用途の他、エネルギーとしても利用されており、産業上利用価値がある。セルロースは、またさまざまな結晶構造を取り得るため、その生合成酵素を制御することにより新素材の開発が期待される。これまでのセルロースに関する産業は、既に造られたセルロース産物だけを対象にしてきており、生合成の側面から新素材を開発しようとする試みはなかった。また植物に対する病原菌の病害作用機作が、イモチ菌 (*P. oryzae*) のように、セルロース生合成の阻害に起因するものが多く、セルロース生合成機構の病害抵抗性付加は農業上応用価値がある。さらにセルロースは、地球上で最も豊富な有機化合物であるとともに、大気中の CO_2 が最も多量に固定されているシンクでもある。セルロース生合成酵素の遺伝的改良は、セルロー

スをシンクとする大気中の CO_2 の調節につながる産業へも応用できる。近年、ワタ繊維細胞由来の cDNAs のランダムシーケンスを行い、微生物セルロース合成酵素遺伝子 (bacterial BcsA) との相同性から、完全鎖長 CelA1 と不完全鎖長 CelA2 がワタセルロース合成酵素 cDNA である可能性が報告された (Pearet al., Proceeding of National Academy of Science, USA (1996) 93, 12637-12642)。CelA1 については、UDP-glucose との結合能が示されたが、CelA2 については単に C 末端アミノ酸配列が相同性を示すのみにとどまっている。

【 0 0 0 3 】

【発明が解決しようとする課題】 本発明は、原核細胞又は真核細胞のセルロースの生産を制御する新たな方法を提供するために、セルロース合成酵素をコードする DNA、これを含む組換え DNA、前記 DNA で形質転換された形質転換細胞、及び細胞のセルロース合成を制御する方法を提供することを課題とする。

【 0 0 0 4 】

【課題を解決するための手段】 本発明者らは、まずワタ繊維細胞がセルロースを蓄積する時期の mRNA を抽出し、それと相補的な cDNA を合成し、cDNA ライブラリーを構築した。ライブラリーより任意に選択した 750 のクローンをランダムにシーケンスした。得られた各クローンの塩基配列ひとつに対して 6 つのアミノ酸配列を導き、酢酸菌セルロース合成酵素オペロンのセルロース 4- β -グルコシルトランスフェラーゼ (bcsA) 遺伝子をアミノ酸配列に置き換えたものと、相同性のあるものを選抜した。その結果、3 つの種類あるいはグループに分類される遺伝子を見出し、それぞれ PcsA1、PcsA2、及び PcsA3 と命名した (PcsA は、Plant Cellulose Synthase A の略である)。

【 0 0 0 5 】 すなわち本発明は、以下の (A) ~ (C) のいずれかのタンパク質をコードする DNA である。

(A) 配列番号 2 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 2 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

(B) 配列番号 4 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 4 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

(C) 配列番号 8 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 8 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、及び、配列番号 11 に示すアミノ酸配列、又は配列番号 11 において 1 若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列、を含み、かつ、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質。

【 0 0 0 6 】 また本発明は、上記 DNA の全部又は一部を含む組換えベクター、及び上記 DNA で形質転換され

た形質転換細胞を提供する。

【0007】本発明はさらに、前記DNAを細胞に導入し、前記DNAと相同な塩基配列又は相補的な塩基配列を有するRNAを発現させることにより、前記細胞のセルロース合成を制御する方法を提供する。

【0008】尚、配列番号1はPcsA1の、配列番号3はPcsA2の配列に相当する。また、配列番号5はPcsA3の3'側領域、配列番号7はPcsA3の5'側領域、配列番号9はPcsA3の内部領域の配列にそれぞれ相当する。

【0009】上記DNAのうち、PcsA1及びPcsA2は、ワタセルロース合成酵素をコードするDNAであることが、真核細胞（動物細胞及び酵母）における発現によって証明された。また、それらに対する抗体は、無細胞系におけるワタセルロース合成酵素活性をも阻害することが示された。さらに、PcsA1及びPcsA2と異なるPcsA3がさらに見出された。これらは、ランダムシーケンスで得られたクローンの段階ではいずれも不完全長であり、コード領域の5'部分を含んでいなかったため、PCRを用いた5' RACE法により完全長の5'部分の配列を単離しそのシーケンスを決定した。この操作でPcsA1及びPcsA2に関しては、不完全長クローンに対応する5'部分の配列が得られた。

【0010】一方、PcsA3に関しては、同じPcsA3のグループに属すると思われる別のクローンの5'部分の配列が得られた。両者は相同性が非常に高く、進化の過程で、比較的最近、同じ遺伝子から重複によりマルチジーン化したものと思われる。よって両者を対応する部分で結合し、融合遺伝子を構築した後発現させたとしても、生産された酵素の活性機能には影響はないと考えられる。

【0011】PcsA1、PcsA2ではさらに完全長クローンを得るために、5'部分の配列と不完全長クローンの3'部分の配列よりプライマーを設計しPCRを行ない、ORFを含むクローンを得た。RACE法を行なう際に用いる鋳型は、mRNAより合成したcDNA、ファージライブラリーのいずれでもよく、ファージライブラリーを用いる場合にはベクター中の配列を5'側プライマーとして用いることができる。

【0012】またランダムシーケンスの結果、セルロース合成酵素と思われる15個のクローンの内で、最も多量に存在したのはPcsA2の7クローンであった。これらセルロース合成酵素遺伝子で形質転換された真核細胞（動物細胞及び酵母）における発現を見たところ、セルロース合成酵素活性を示した。

【0013】

【発明の実施の形態】以下、本発明を詳細に説明する。

【0014】<1>ワタcDNAライブラリーの作製
ワタcDNAライブラリーを作成するためのmRNAを

抽出する材料としては、セルロースを蓄積する時期のワタ繊維細胞が好ましい。mRNAの抽出法は特に制限はなく、通常の植物からのmRNAの抽出法を採用することができる。cDNAの合成は、例えば、mRNA末端に存在するポリAヌクレオチドに相補的なポリT配列をプライマーとして、逆転写酵素により相補DNAを合成し、DNAポリメラーゼによって二本鎖にすることによって成し得る。その方法は、例えばMolecular Cloning (Maniatisら、Cold Spring Harbour Laboratory) に記載されているが、各社からcDNA合成キットが多数市販されているのでそれらを使用しても良い。ライブラリーは一般的にファージベクターによって構築され、市販されている多数のベクターが使用可能であるが、ベクターからのリクローニングの必要が無く、すぐにシーケンス用プラスミドの調製ができるベクター、例えばλZAPベクター等を使用することが好ましい。

【0015】<2>cDNAの塩基配列の決定

得られたcDNAライブラリーからランダムにクローンを選択し、クローン中のインサートの塩基配列を決定する。塩基配列の決定は、Maxam-Gilbert法あるいはダイデオキシ法によって行うことができるが、これらのうちではダイデオキシ法がより簡便であり好ましい。

【0016】ダイデオキシ法による塩基配列の決定を行うには、市販されているシーケンス決定キットを用いて行うことができ、更にオートシーケンサーを使うことによって短時間に大量のクローンの配列を決定することができる。配列の決定はインサート全長について行う必要はなく、ホモロジー検索をするのに足ると思われる長さを決定できればよい。例えば、後記実施例では、60塩基以上の配列を決定できた場合に、次に示すホモロジーの検索を行った。

【0017】<3>遺伝子データベースとのホモロジー検索

決定された各cDNAクローンの塩基配列を、遺伝子データベースに登録されている既知のセルロース合成酵素のアミノ酸配列又はこれをコードする遺伝子の塩基配列との間で、ホモロジー検索を行う。セルロース合成酵素としては、酢酸菌セルロース合成酵素オペロンのセルロース 4-β-グルコシルトランスフェラーゼ (BcsA) 遺伝子がコードする酵素が挙げられる (Wong, H.C. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87, 8130-8134 (1990), ACCESSION No. M37202)。

【0018】データベースとしては、米国ロスアラモス国立研究所、欧州分子生物学研究所、国立遺伝学研究所などから公表されているGenBank、EMBL、DDBJなどを利用することができ、ホモロジー検索用のプログラムとしては、市販のDNA解析ソフト、DNASIS (日立ソフトウェアエンジニアリング)、GENETYX (SDCソフトウェア開発(株)) などを購入して使用することができる。また、国立遺伝学研究所の大型計算機と端末とを接続して

の解析や、インターネット上で、NCBI(National Center for Biotechnology Information)へ接続して (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) BLAST(Basic Local Alignment Search Tool)などを利用した高速なホモロジー検索を行う等の方法もある。ホモロジー検索は、例えば次のようなアルゴリズムによって行う。塩基配列について行う場合は、調べようとする塩基配列をデータベース中の個々の遺伝子配列に対して1塩基ずつずらしながらホモロジーを比較していき、6塩基以上連続して塩基が一致している場合にホモロジースコアテーブル(例えばM.

Dayhoff, Atlas of Protein Sequence and Structure, vol.5 (1978)等参照)に従ってホモロジースコアを計算していく。スコアが一定値以上のものをホモロジーを有する候補として取り上げるように設定し、さらに、調べようとする配列またはデータベース中の遺伝子配列にギャップを入れ、スコアが最大となるように最適化するとよい。

【0019】また、アミノ酸配列についてホモロジー検索を行う場合は、調べようとする塩基配列を、相補鎖を含めた6フレームすべてにおいてアミノ酸に変換し、塩基の場合と同様に調べることができる。具体的には前記のBLASTのうちblastxを使用することができる。検索の詳細な手法や条件は、DDBJ News Letter No.15 (February 1995)を参照すればよい。

【0020】<4>ワタセルロース合成酵素cDNAクローンの単離

上記のようにして得られるクローンは、必ずしもその遺伝子の全ヌクレオチド配列を含んでいるとは限らない。その場合には、そのクローンをプローブとして用い、ブラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行うことにより、ライブラリーから完全長遺伝子を含むクローンを得ることができる。具体的な方法は、Molecular Cloning 第2版 (Maniatisら, Cold Spring Harbour Laboratory)12.30~12.40を参照して行えばよい。また、得られたcDNAが5'側を欠いている場合には、そのcDNA配列を5'末端側へ伸長できるようにプライマーを合成し、mRNAを鋳型にRT-PCRを行うことによって5'部分を取得することもできる。

【0021】本発明のDNAは、後記実施例に示すように、既知のバクテリアのセルロース合成酵素遺伝子とホモロジーを有する物として得られたものである。さらにUDP-glucose結合ドメインと考えられているアミノ酸配列GlnXXXXXXArgTrp(配列番号12)をコードしており、その近辺に高い相同性を有するものである。上記のようにして得られた本発明のDNAのヌクレオチド配列及びこの配列から予想されるアミノ酸配列を配列表配列番号1~10に示す。配列番号1、3はPcsA1及びPcsA2の塩基配列を各々示し、配列番号2、4はPcsA1及びPcsA2の塩基配列から予想されるアミノ酸配列を各々示す。

【0022】また、配列番号5及び配列番号6は、PcsA3の3'側領域を含むクローン(PcsA3-682)の塩基配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を示す。配列番号7及び配列番号8は、PcsA3の5'側領域を含む別のクローンの5'部分(PcsA3-5')の塩基配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を、配列番号9及び配列番号10は、このクローンの3'部分(PcsA3-3')の塩基配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を、各々示す(図1参照)。すなわち、配列番号5はPcsA3の3'側領域、配列番号7はPcsA3の5'側領域、配列番号9はPcsA3の内部領域に相当する。PcsA3-682とPcsA3-3'のオーバーラップしている部分は、塩基配列で9塩基、アミノ酸配列で1アミノ酸異なっている。PcsA3-682とPcsA3-3'の塩基配列の比較を、図3及び4に示す。また、PcsA3-682とPcsA3-3'がコードするアミノ酸配列を統合したものを、配列番号11に示す。ちなみにGlnXXXXXXArgTrp(配列番号12)の配列は、PcsA1に関しては、配列番号2におけるアミノ酸番号710から714であり、PcsA2に関しては、配列番号4におけるアミノ酸番号778から782であり、PcsA3に関しては、配列番号6におけるアミノ酸番号356から360である。

【0023】PcsA1は、Pear et al. (Proceeding of National Academy of Science, USA (1996) 93, 12637-12642)らが報告したCelA1と、塩基配列が28塩基異なり、その結果コードされるアミノ酸配列も10アミノ酸残基異なる。一般に糖鎖転移酵素は、DNA塩基のポイントミューテーションで、糖鎖特異性や基質特異性が極端に変化するため(Yamamoto and Hakomori, The Journal of Biological Chemistry (1990) 265, 19257-19262)、CelA1がセルロース合成酵素活性を有するタンパク質をコードするか否かは不明である。尚、CelA1のコードするアミノ酸配列において48番目のArg、56番目のSer、81番目のAsn、104番目のAla、110番目のSer、247番目のAsp、376番目のAsp、386番目のSer、409番目のArg、649番目のSerは、PcsA1ではそれぞれGln、Ile、Ser、Thr、Pro、Asn、Glu、Pro、His、Glyである。

【0024】また、本発明のPcsA2は、Pear et al. が報告したCelA2と同一の配列を含んでいるが、CelA2は不完全長であり、コード領域全体を含んでいない。CelA2は、配列番号3に示すPcsA2の塩基配列において、塩基番号1083~3311に相当する。配列番号2、4、6、8、10及び11に示すアミノ酸配列はいずれも新規な配列であり、このアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する遺伝子はすべて本発明に含まれる。

【0025】また、上記アミノ酸配列のうち、本発明の遺伝子の特性に実質的に影響を与えない限り、アミノ酸残基の欠失、置換、挿入あるいは付加を含んでもよい。そのようなアミノ酸残基の欠失、置換、挿入あるいは付加は、配列番号2、4、6、8、10及び11に示

すアミノ酸配列をコードするDNAに対して、通常の変異処理によりランダムに、あるいは部位特異的な変異法により計画的に改変することによって得られる。上述したように、一般に糖鎖転移酵素は、DNA塩基のポイントミューテーションで、糖鎖特異性や基質特異性が極端に変化するため、改変されたDNAのうち、セルロース合成酵素活性を有するタンパク質をコードするDNAを選択する。セルロース合成酵素活性は、例えば、T. Hayashi: Measuring- β -glucan deposition in plant cell walls, In Modern Methods of Plant Analysis: Plant Fibers, eds. HF. Linskens and JF. Jackson, Springer-Verlag, 10: 138-160 (1989)に記載されている方法によって測定することができる。

【0026】また、ワタの品種によって、あるいは自然突然変異等によって、配列表に示す配列と一部異なる配列を有するタンパク質あるいは遺伝子を保持するものも存在する可能性があるが、そのような遺伝子も本発明の遺伝子に含まれる。このような遺伝子は、配列番号1、3、5、7又は9に示す塩基配列のうち、コード領域の全部又は一部とストリンジントな条件下でハイブリダイズするDNAとして取得され得る。ここでいう「ストリンジントな条件」とは、いわゆる特異的なハイブリッドが形成され、非特異的なハイブリッドが形成されない条件をいう。この条件を明確に数値化することは困難であるが、一例を示せば、相同性が高い核酸同士、例えば80%以上の相同性を有するDNA同士がハイブリダイズし、それより相同性が低い核酸同士がハイブリダイズしない条件が挙げられる。

【0027】<5>本発明の遺伝子の利用

本発明のDNAにより、酢酸菌等の前核細胞、サッカロミセス (Saccharomyces) 属等に属する酵母、ワタ等の植物細胞やほ乳類の培養細胞等の真核細胞におけるセルロース合成を制御することが可能となる。具体的には、例えば、本発明のDNAの上流域にプロモーターを連結し、適当なベクターに挿入して組換えベクターを構築し、この組換えベクターを細胞に導入することによって、前記細胞のセルロース合成を促進することができる。また、本発明のDNAのアンチセンス遺伝子を細胞に導入することによって、前記細胞のセルロース合成を抑制することができる。プロモーター及びベクターの選択、形質転換方法は、通常の異種遺伝子の発現に利用されているもの及び方法を用いればよい。具体的には、酵母では、Invitrogen社製のタンパク質発現キットPichia Expression Kit及びこのキットに含まれているベクターpPIC9を用いることができる。また、ほ乳類の培養細胞としては、COS7細胞及びベクターCDM8等を用いることができる。

【0028】

【実施例】以下に、本発明の実施例を説明する。

【0029】<1>ワタからの全RNAの調製

材料としてワタ (*Gossypium hirsutum* L.) Coker312を使用し、開花後16~18日目の繊維細胞を液体窒素中で採取した。ワタ繊維細胞75gを、液体窒素で凍結しながら乳鉢中で十分磨砕した。粉末になったファイバーを蓋付きの遠心管に移し、375mgのDITを粉末のまま加えた後、90~95℃に加熱したXT緩衝液 (30mM EDTA及び1% SDSを含む0.2Mホウ酸ナトリウムをpH9.0に合わせた後、ジエチルピロカーボネート処理をし、オートクレーブする。この溶液にバナジリリボヌクレオシドを10mMになるように加える) を200ml加えよく攪拌した。

【0030】これにプロテアーゼKを100mg加え再び攪拌し、40℃で2時間インキュベートした後16mlの2M KClを加えた。再びよく攪拌した後、氷中に1時間静置し、高速冷却遠心機で20分間 (4℃) 12,000 gで遠心分離した。上清を濾過して浮遊物を除去し、メスシリンダーに移して容量を計り、これを別の遠心管に移し、抽出液量1ml当たり85mgの塩化リチウムを加えて最終濃度2Mにした。この溶液を4℃で一晩静置した後、沈殿したRNAを20分 12,000 gで遠心分離した。得られたRNAの沈殿は、冷やした2M塩化リチウムで2回洗浄沈殿させた。

【0031】得られたRNAを、10mMトリス緩衝液 (pH 7.5) で約2mg/mlになるように溶解し、5M酢酸カリウムを200mMになるよう加えた後、エタノールを70%になるように加え-80℃で10分冷やした。4℃ 15,000 rpmで、10分間遠心分離後、沈殿を適量の滅菌水に懸濁してRNA試料とした。このRNA試料を定量した結果、2mgの全RNAが得られた。

【0032】<2>mRNAの精製

上記で得られた全RNAからmRNAをポリ(A)' RNA画分として精製した。精製には、ポリ(A)' RNA精製用オリゴ (dT) 固定化ラテックスであるOligotex-dT30<Super> (東洋紡 (株) より購入) を用いた。全RNA 1mgの溶液にElution buffer (溶出バッファー: 10mM Tris-HCl (pH7.5), 1mM EDTA, 0.1% SDS) を加えて全量で1mlとし、それにOligotex-dT30<Super> 1mlを加え、65℃で5分間加熱し、氷上で3分間急冷した。これに5M NaCl 0.2mlを加え、37で10分間インキュベートした後15,000 rpmで、3分間遠心分離後、上清を注意深く除去した。

【0033】ベレットをWashing Buffer (洗浄バッファー: 10mM Tris-HCl (pH7.5), 1mM EDTA, 0.5M NaCl, 0.1% SDS) 2.5mlに懸濁し、15,000 rpmで、3分間遠心分離後、上清を注意深く除去した。ベレットをTE Buffer 1mlに懸濁して、その後65℃で5分間加熱した。これを氷上で3分間急冷したのち、15,000 rpmで3分間遠心分離し、上清中のポリ(A)' mRNAを回収した。上記のようにして、1mgの全RNAから約10 μ gのポリ(A)' mRNAが得られた。そのうちの5 μ gをcDNAライブラリーの作製に使用した。

【0034】<3>cDNAライブラリーの作製

(1) cDNAの合成

上記で得られたmRNAを鋳型に用い、Stratagene社製λZAP cDNA合成キットを用いてcDNA合成を行った。以下の溶液をチューブ中に混合した。

5.0μl 10×1st Strand Buffer (逆転写反応用バッファ)

3.0μl 10mM 1st Strand Methyl Nucleotide Mix (5-methyl dCTP, dATP, dGTP, dTTP 混合物)

2.0μl Linker-Primer (リンカー兼プライマー)-
H₂O (全体を50μlになるように調節する。)

1.0μl RNase Block II (RNase阻害剤)

【0035】上記の各成分はキットの内容物であり、Linker-Primerの配列は、配列番号13に示したとおりである。尚、メチル化されたヌクレオチドを用いるのは、後の制限酵素反応でcDNAが切断されないようにするためである。上記反応液をよく攪拌した後、ポリ(A)⁺mRNA 5.0μgを加え、室温で10分放置した。さらに2.5μl M-MuLV RTase (逆転写酵素)を加え(この時に全体が50μlになる)、緩やかに混合した後、軽く遠心して反応液をチューブの底部に落とし、37℃で60分反応させた。

【0036】次に、以下の溶液を順序に従ってチューブ中に混合した。

45.0μl cDNA一次鎖を含む反応液

40.0μl 10×2nd Strand Buffer (ポリメラーゼ反応用バッファ)

6.0μl 2nd Strand Nucleotide Mixture (A, G, C, T混合物)

302.0μl H₂O

【0037】更に以下の溶液を添加したが、RNaseとDNAポリメラーゼが同時に働き出すようにチューブの壁に酵素液を付着させ、その後手早くボルテックスし、遠心して反応液をチューブの底部に落とし、16℃で150分、cDNA二次鎖の合成反応を行った。

0.8μl RNase H (RNA分解酵素)

7.5μl DNAポリメラーゼ I (10.0 u / μl)

【0038】これに400μlのフェノール：クロロホルム(1:1)混液を加え、よく攪拌した後室温で2分遠心した。上清に再度400μlのフェノール：クロロホルムを加え、ボルテックスして室温で2分遠心し、その上清に以下の溶液を加えてcDNAを沈殿させた。

【0039】

33.3μl 3M 酢酸ナトリウム溶液

867.0μl 100% エタノール

【0040】これを-20℃で一晩放置し、室温で60分遠心した後、80% エタノールで緩やかに洗浄し、2分遠心した。上清を除き、ペレットを乾燥させ、43.5μlの滅菌水に溶解した。そのうち39.0μlに以下の溶液を添加し、cDNA末端を平滑化させた。

【0041】

5.0μl 10×T4 DNA Polymerase Buffer (T4ポリメラーゼ反応用バッファ)

2.5μl 2.5mM dNTP Mix (A, G, C, T混合物)

3.5μl T4 DNAポリメラーゼ (2.9 u / μl)

【0042】37℃で30分反応させ、50μlの滅菌水を加えた後100μlのフェノール：クロロホルムを加え、ボルテックスして2分遠心した。上清に100μlのクロロホルムを加え、ボルテックスして2分遠心し、上清に以下の溶液を加えてcDNAを沈殿させた。

7.0μl 3M 酢酸ナトリウム溶液

226μl 100% エタノール

【0043】この溶液を氷上に30分以上放置し、4℃で60分遠心した。沈殿を150μlの80%エタノールで洗浄し、2分遠心した後乾燥させた。このcDNAのペレットを7.0μlのEcoRI Adaptor (EcoRIアダプター)溶液に溶解し、更に、以下の溶液を添加してcDNAの両末端にEcoRIアダプターを連結した。EcoRIアダプターの各々のストランドの配列を配列番号14及び図2に示す。

1.0μl 10×Ligation Buffer (リガーゼ反応用バッファ)

1.0μl 10mM ATP

1.0μl T4 DNAリガーゼ

【0044】この反応液を軽く遠心し4℃に一晩以上放置した。この溶液を70℃で30分処理した後軽く遠心し、5分室温に放置し、以下の溶液を加えて、EcoRIアダプターの5'末端をリン酸化した。

1.0μl 10×Ligation Buffer (リガーゼ反応用バッファ)

2.0μl 10mM ATP

6.0μl H₂O

1.0μl T4ポリヌクレオチドキナーゼ (10.0 u / μl)

【0045】37℃で30分反応させ、70℃で30分処理した後、軽く遠心し室温に5分放置した。さらに以下の溶液を加え、37℃で90分反応させてXhoIでLinker-Primerによって導入されたXhoIサイトを切断したのち室温に放置し冷却させた。

28.0μl XhoI Buffer

3.0μl XhoI (45 u / μl)

【0046】この反応液に5.0μlの10×STE (10mM Tris-HCl (pH8.0), 100mM NaCl, 1mM EDTA)を加え、ショートフラグメント除去用遠心カラム (Sephacryl Spin Column)に添加し、600 gで2分遠心した溶出液を、フラクション1とした。さらにこの操作を3回繰り返し、それぞれフラクション2、3及び4とした。フラクション3、4を合わせ、フェノール：クロロホルム(1:1)を加えよく攪拌し、室温で2分遠心した。上清に等量のクロロホルムを加えよく攪拌し、室温で2分遠心しさらにその上清に2倍の100%エタノールを加え-20℃に一晩放置

した。これを4℃で60分遠心した後等量の80%エタノールで洗浄した。さらに4℃で60分遠心し、得られたcDNAのベレットを10μlの滅菌水に懸濁した。

【0047】(2) cDNAライブラリーの作製
上記で得られた二本鎖cDNAを入ファージ発現ベクターに連結し、組換えベクターを調製した。チューブに以下の溶液を混合し、12℃で一晩、反応させ、2時間室温で放置し、cDNAをベクターに連結させた。

【0048】

2.5μl cDNA溶液
0.5μl 10×Ligation Buffer
0.5μl 10mM ATP
1.0μl λZAPベクターDNA (1μg/μl)
0.5μl T4 DNAリガーゼ (4 Weiss u/μl)

【0049】(3) ファージDNAのファージ粒子へのパッケージング

cDNAを挿入したファージベクターを、インビトロ・パッケージングキット (GigapackII Gold packaging extract; Stratagene社製) を用いてファージ粒子にパッケージングした。溶解した直後の凍結-融解エキス (Freeze / Thaw extract) に組換えファージ溶液を加え、氷上に置き、すぐに15μlの超音波処理エキス (Sonic extract) を加え、ピペティングしてよく混合した。これを軽く遠心して室温 (22℃) に2時間放置した。上記反応液に500μlのファージ希釈バッファー (Phage Dilution Buffer) を加えさらに20μlのクロロホルムを加え、混合した。ライブラリーのタイターを測定するために、500μlの水相の内2μlを18μlのSM buffer (1L中、NaCl 5.8g, MgSO₄·7H₂O 2g, 1M Tris-HCl (pH7.5) 50ml, 2%ゼラチン 5ml) で1:10に希釈した。1μlの希

大腸菌XL1-Blue培養液 (OD₆₀₀=0.1)

増幅後のファージ溶液

ヘルパーファージ408

【0052】上記混合液に5mlの2×YT培地を加え、37℃で3時間振とう培養して、70℃で20分熱処理した後4000gで5分遠心した。上清をデカントし、滅菌チューブへ移した。これを遠心し、上清を100倍希釈した溶液20μlとOD₆₀₀が1.0になるまで培養した大腸菌XL1-Blueの培養液200μlを混合し、37℃で15分感染させた。1~100μlの培養液を、アンピシリンを含むLBプレートにプレート

【0053】(6) プラスミドの調製

プラスミドの調製は、Promega社製のMagic mini-prepキットを用いて行った。-80℃で保存しておいたプラスミドを保持する大腸菌の培養液を、5mlの2×YT培地に接種し、37℃で一晩培養した。5分間遠心 (4,000 rpm, 4℃) して上清をデカントにより除去し、菌体ベレットにTEバッファーを1ml加えボルテックスした。菌体懸濁

液と1μlのファージ原液をそれぞれ、OD₆₀₀が0.5になるまで培養した大腸菌 PLK-F' 株の培養液200μlと共にプレートングした。すなわち、大腸菌 PLK-F' 株とファージ溶液を混合し、37℃で15分培養し、これを2~3mlのトップアガー (48℃) に加え、直ちに37℃に温めたNZY アガープレートへ重層した。37℃で一晩培養し、出現したプラークを数えてタイターを算出した。その結果、タイターは 1.2×10^4 pfu/mlであった。

【0050】(4) ライブラリーの増幅

10 遠心チューブに約50,000の組み換えバクテリオファージを含むパッケージング溶液と、OD₆₀₀が0.5になるまで培養した大腸菌 PLK-F' 株の培養液600μlを加え、37℃で15分培養した。この培養液に、溶解後48℃に保っておいた6.5mlのトップアガーを加え、約37℃に温めておいた150mm NZY プレートに重層し、37℃で5~8時間培養した。各プレートに10mlのSM Bufferを加え、4℃で一晩ゆっくり振とうさせながら培養した。各プレート中のSM Bufferを滅菌したポリプロピレンチューブに集め、更に各プレートを2mlのSM bufferでリンスし、これも同チューブに集めた。全量の5%にあたるクロロホルムを加えて混合し、室温で15分放置し、4,000gで5分遠心して菌体を除いた。この上清に、全量の0.3%にあたるクロロホルムを加え、4℃で保存した。こうして増幅したライブラリーのタイターを前記と同様にして測定した結果、 2.3×10^4 pfu/mlであった。

【0051】(5) ファージDNAからのプラスミドの切り出し組換えファージDNAから、プラスミド部分のインビボ切りだし (In vivo Excision) を行った。50mlのコニカルチューブ中に以下のものを混合し、37℃で15分感染させた。

200μl

200μl ($>1 \times 10^4$ ファージ粒子)

1μl ($>1 \times 10^4$ pfu/ml)

液をエッペンドルフチューブに移し、5分間遠心 (5,000 rpm, 4℃) して上清をデカントにより除去した。

【0054】菌体ベレットに300μlのCell Resuspension Solution (細胞懸濁用溶液) を加えよく懸濁し、エッペンドルフチューブに移した。これを2分間ミキサーで攪拌し、300μlのCell Lysis Solution (細胞溶解用溶液) を加え透明になるまで攪拌した。さらに300μlのNeutralization Solution (中和用溶液) を加え、手で振って攪拌した後、10分間遠心 (15,000 rpm) した。

【0055】上清のみを新しいエッペンドルフチューブ (1.5ml) に移した。吸引管にコック、ミニカラム、シリンジ (注射器) の順で接続し、シリンジにレジンを1ml入れた。上記上清をこのシリンジの中へ注入し良く攪拌した後、吸引した。Column Wash Solution (カラム洗浄用溶液) を2ml加え吸引して洗浄し、乾燥のため1~2分そのまま吸引しておいた。ミニカラムを取り外し、新しいエッペンドルフチューブ (1.5ml) 内にセットし

た。65~70℃に温めた滅菌水100 μ lをミニカラムに注入し、1分間エッペンドルフチューブごと遠心(5,000 rpm)した。溶出液をエッペンドルフチューブに移し、3M酢酸ナトリウム水溶液を5 μ l加え、冷エタノールを250 μ l加えた。これを遠心し(15000 rpm, 25分)、上清を捨て、沈殿に70%エタノールを1ml加え、再び遠心した(15000 rpm, 3分)。エタノールを完全に取り除き、チューブをデシケーター中でバキュームドライした。沈殿を20 μ lの滅菌水に良く溶かし、-20℃で保存した。この溶液1 μ lを取って、ポリウムマーカールと一緒に電気泳動してプラスミドDNAを定量した。

【0056】<4>cDNAの塩基配列の決定及び遺伝子データベースとのホモロジー検索

(1) cDNAの塩基配列の決定

cDNAの塩基配列解析は、アプライドバイオシステムズ社(ABI)製DNAオートシーケンサー373Aを用いて行った。シーケンス反応は同社製Dye Primer Cycle SequencingキットによりT3プライマーを用いて付属の説明書に従って行った。ランダムに選択した約750個のクローンについて、塩基配列の決定を行った。

【0057】(2) ホモロジー検索

約750個のクローンの部分配列を、BlastXにより、コンピュータ検索した。その結果、3個のクローンがバクテリアセルロース合成酵素サブユニットのホモログであったので、その完全長クローンの単離を試みた。

【0058】<5>完全長クローンの単離

(1) 5' RACE

ホモロジー検索の結果、得られたホモログクローンは不完全長だったため、5'末端側へ伸長できるように、プライマーを合成し、mRNAを鋳型にRT-PCRを行なった。

【0059】(1-a) first-strand DNAの合成
以下の溶液をチューブ中に混合した。

0.5 μ l 10 μ mol gene-specific primer1

1 μ g total RNA

DEPC-treated H₂O (全体を9 μ l になるように調節する)

【0060】gene-specific primer1として、PcsA1用には配列番号15記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを、PcsA2用には配列番号16記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを、PcsA3用には配列番号17記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを用いた。

【0061】上記反応液を緩やかに混合した後、軽く遠心して反応液をチューブの底部に落とし、70℃で10分放置しすぐに氷冷した。次に、以下の溶液をチューブ中に混合した。

5 \times RT Buffer 5 μ l
25mM MgCl₂ 2.5 μ l
2mM dNTP mix 5 μ l
0.1M DTT 2.5 μ l
H₂O (全体が24 μ lになるように加える)

【0062】緩やかに攪拌した後、軽く遠心して反応液をチューブの底部に落とし、42℃で1分置いた。そこに1 μ l SuperScriptIII RT (逆転写酵素 GIBCO BRL)を加え、緩やかに混合した後、42℃で50分反応させた。その後70℃で15分置き、反応を停止させた。軽く遠心して反応液をチューブの底部に落とし、37℃に置いた。そこに1 μ l RNase H (東洋紡)を加え、37℃で30分反応させた。

【0063】続いて、反応液中に含まれる、過剰のプライマーやヌクレオチドを除くために、ベアリンガー社製の精製カラム、Quick Spin Columns を用いてゲルろ過を行なった。まず、カラムのlipを取り、1100 \times gで2分間遠心してbufferを捨てた。カラムの中央に上記反応液を入れ、1100 \times gで4分間遠心し、溶液を回収した。

【0064】(1-b) Poly(dC) tailing

得られた溶液から5 μ l取り、以下の溶液を加えた。

5 μ l 5 \times CoCl₂ Buffer

2.5 μ l 2mM dCTP

H₂O (全体を24 μ l になるように調節する)

【0065】上記反応液を良く混合し、94℃で3分間置いた。軽く遠心してチューブの底部に落として、氷上に置いた。そこにターミナルトランスフェラーゼTdT (東洋紡)を1 μ l加えて軽く混合し、37℃で10分間反応させた。引き続き65℃で10分間置いて反応を停止させた。

【0066】(1-c) PCR反応

上記反応液から、2.5 μ l取り、以下の溶液を加えた。

2.5 μ l 10 \times PCR Buffer

2.5 μ l 2mM dNTP mix

0.5 μ l Gene-specific primer2

0.5 μ l Abridged Anchor Primer (GIBCO BRL)

0.5 μ l Advantage KlenTaq Polymerase Mix (Clontec)

H₂O (全体を25 μ l になるように調節する)

【0067】Gene-specific primer2としては、PcsA1用には配列番号18記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを、PcsA2用には配列番号19記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを、PcsA3用には配列番号20記載の塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを用いた。

【0068】0.2mlチューブに入れ、以下の条件でPCR反応を行なった。

PAD	94℃	90秒
30サイクル	94℃	30秒
	60~68℃	30~60秒
	68℃	180秒
Final	68℃	7分
Hold	4℃	

【0069】反応液のアガロースゲル電気泳動を行ない、最も大きいサイズ(PcsA1で約1.8K, PcsA2で約2K, PcsA3で約2.2K)の部分のDNAをゲルから抽出した。抽出に

は CLONTECH 社の GENO-BIND を用い、そのプロトコールに従った。こうして得られた DNA に Poly(dC) tailing を行ない、これをテンプレートとして PCR 反応を行なった。条件および反応液組成は上記と同じである。

【0070】 (2) クローニング

(2-a) 5' RACE の TA クローニング

得られた PCR 反応液から、Invitrogen 社の TA Cloning Kit を用いて、そのプロトコールに従い、クローニングを行なった。上記で得られた PCR 反応液中 1.5 μl に以下の溶液を加えた。

0.5 μl 10×Ligation Buffer

1 μl pCR11 vector

0.5 μl T4 DNA Ligase

1.5 μl dH₂O

【0071】 14℃ で一晩反応させた。その反応液から 2 μl を大腸菌コンピテントセル (JM109) 25 μl に加え、30 分間氷上においた後、42℃ で 30 秒間ヒートショックを与えた。氷上で 2 分間静置した後、SOB 培地を 450 μl 加えて 200rpm 37℃ で 1 時間振とう培養した。これを、Amp/Xgal/IPTG プレートにまき、37℃ で一晩静置培養した。得られたコロニーから前記の方法によりプラスミドを抽出した。

【0072】 (2-b) 完全長 cDNA のクローニング

ABI 社製の DNA Sequencer 377 を用いてプロトコールに従って行なった。シーケンス反応は同社製 Dye Terminator Cycle Sequencing キットにより M13 プライマー及び合成オリゴマーをプライマーとして用いて行なった。シーケンスの結果 PcsA3 に関しては、同じ PcsA3 の仲間ではあるが配列のわずかに異なる (アミノ酸で 1 箇所) 別のクローンが単離されてきたことがわかった (図 3、4 参照)。PcsA3 の 3' 側領域を含むクローン (PcsA3-682) の塩基配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を、配列番号 5、6 に示す。PcsA3 の 5' 側領域を含む別のクローンの 5' 部分 (PcsA3-5') の塩基

配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を、配列番号 7、8 に示す。また、このクローンの 3' 部分 (PcsA3-3') の塩基配列及びこの塩基配列から予想されるアミノ酸配列を、配列番号 9、10 に示す。PcsA1、PcsA2 に関しては、得られた配列より ORF を含む領域の 5' 末端および 3' 末端のプライマーを合成し、PCR 反応を行ない、TA クローニングにより完全長クローンを単離した。条件および反応液組成は上記と同じである。プライマーは、PcsA1 用には配列番号 21 (5' 末端) 及び配列番号 22 (3' 末端) に示すオリゴヌクレオチドを、PcsA2 用には配列番号 23 (5' 末端) 及び配列番号 24 (3' 末端) に示すオリゴヌクレオチドを、用いた。結果を、配列番号 1 ~ 4 に示す。

【0073】

【発明の効果】 本発明によって、セルコース合成酵素をコードする DNA が提供される。これらの DNA は、原核細胞及び真核細胞へ組み込んで、セルコースの生産を制御する新たな方法を提供する。

【0074】

【配列表】

配列番号: 1

配列の長さ: 3207

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源

生物名: ワタ (*Gossypium hirsutum* L.)

株名: Coker312

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

存在位置: 77..3001

特徴を決定した方法: S

配列

GGTTAGCATA TTGTTTGTAG CATTGGGTTT TTTTCTCAAG GAAGAAGAAG GAGAAAGATA 60

AGTAATGTTT TTGAGA ATG ATG GAA TCT GGG GTT CCT GTT TGC CAC ACT 109

Met Met Glu Ser Gly Val Pro Val Cys His Thr

1 5 10

TGT GGT GAA CAT GTT GGG TTG AAT GTT AAT GGT GAA CCC TTT GTG GCT 157

Cys Gly Glu His Val Gly Leu Asn Val Asn Gly Glu Pro Phe Val Ala

15 20 25

TGC CAT GAA TGT AAT TTC CCT ATT TGT AAG AGT TGT TTT GAG TAT GAT 205

Cys His Glu Cys Asn Phe Pro Ile Cys Lys Ser Cys Phe Glu Tyr Asp

30 35 40

CTT AAG GAA GGA CAA AAA GCT TGC TTG CGT TGT GGT ATT CCG TAT GAT 253

Leu Lys Glu Gly Gln Lys Ala Cys Leu Arg Cys Gly Ile Pro Tyr Asp

45 50 55

GAA AAC CTG TTG GAC GAT GTC GAG AAG GCC ACC GGC GAT CAA TCG ACA 301

Glu Asn Leu Leu Asp Asp Val Glu Lys Ala Thr Gly Asp Gln Ser Thr

17	60	65	70	75	18
	ATG GCT GCA CAT TTG AGC AAG TCT CAG GAT GTT GGA ATT CAT GCA AGA				349
	Met Ala Ala His Leu Ser Lys Ser Gln Asp Val Gly Ile His Ala Arg				
	80	85	90		
	CAT ATC AGC AGT GTG TCT ACA TTG GAT AGT GAA ATG ACT GAA GAC AAT				397
	His Ile Ser Ser Val Ser Thr Leu Asp Ser Glu Met Thr Glu Asp Asn				
	95	100	105		
	GGG AAT CCG ATT TGG AAG AAC AGG GTG GAA AGT TGG AAA GAA AAG AAG				445
	Gly Asn Pro Ile Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Lys				
	110	115	120		
	AAC AAG AAG AAG AAG CCT GCA ACA ACT AAG GTT GAA AGA GAG GCT GAA				493
	Asn Lys Lys Lys Lys Pro Ala Thr Thr Lys Val Glu Arg Glu Ala Glu				
	125	130	135		
	ATC CCA CCT GAG CAA CAA ATG GAA GAT AAA CCG GCA CCG GAT GCT TCC				541
	Ile Pro Pro Glu Gln Gln Met Glu Asp Lys Pro Ala Pro Asp Ala Ser				
	140	145	150		
	CAG CCC CTC TCG ACT ATA ATT CCA ATC CCG AAA AGC AGA CTT GCA CCA				589
	Gln Pro Leu Ser Thr Ile Ile Pro Ile Pro Lys Ser Arg Leu Ala Pro				
	160	165	170		
	TAC CGA ACC GTG ATC ATT ATG CGA TTG ATC ATT CTC GGT CTT TTC TTC				637
	Tyr Arg Thr Val Ile Ile Met Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu Phe Phe				
	175	180	185		
	CAT TAT CGA GTA ACA AAC CCC GTT GAC AGT GCT TTT GGA CTG TGG CTC				685
	His Tyr Arg Val Thr Asn Pro Val Asp Ser Ala Phe Gly Leu Trp Leu				
	190	195	200		
	ACT TCA GTC ATA TGT GAA ATC TGG TTT GCT TTT TCC TGG GTG TTG GAT				733
	Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val Leu Asp				
	205	210	215		
	CAG TTC CCT AAG TGG TAT CCT GTT AAC AGG GAA ACA TAC ATT GAC AGA				781
	Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Val Asn Arg Glu Thr Tyr Ile Asp Arg				
	220	225	230	235	
	CTG TCT GCA AGA TAT GAA AGA GAA GGT GAA CCT AAT GAA CTT GCT GCA				829
	Leu Ser Ala Arg Tyr Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Glu Leu Ala Ala				
	240	245	250		
	GTT GAC TTC TTT GTG AGT ACA GTG GAT CCA TTG AAA GAG CCT CCA TTG				877
	Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu				
	255	260	265		
	ATT ACT GCC AAT ACT GTG CTT TCC ATC CTT GCC TTG GAC TAC CCG GTA				925
	Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Leu Asp Tyr Pro Val				
	270	275	280		
	GAT AAG GTC TCT TGT TAT ATA TCT GAT GAT GGT GCG GCC ATG CTG ACA				973
	Asp Lys Val Ser Cys Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr				
	285	290	295		
	TTT GAA TCT CTA GTA GAA ACA GCC GAC TTT GCA AGA AAG TGG GTT CCA				1021
	Phe Glu Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro				
	300	305	310	315	
	TTC TGC AAA AAA TTT TCC ATT GAA CCA CGG GCA CCT GAG TTT TAC TTC				1069
	Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe				
	320	325	330		
	TCA CAG AAG ATT GAT TAC TTG AAA GAT AAA GTG CAG CCC TCT TTT GTA				1117

19

20

Ser	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	
			335					340					345			
AAA	GAA	CGT	AGA	GCT	ATG	AAA	AGA	GAT	TAC	GAA	GAG	TAC	AAA	ATT	CGA	1165
Lys	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Asp	Tyr	Gln	Glu	Tyr	Lys	Ile	Arg	
		350					355				360					
ATC	AAT	GCT	TTA	GTT	GCA	AAG	GCT	CAG	AAA	ACA	CCT	GAA	GAA	GGA	TGG	1213
Ile	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Thr	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	
		365					370				375					
ACA	ATG	CAA	GAT	GGA	ACT	CCT	TGG	CCG	GGA	AAT	AAC	CCG	CGT	GAT	CAC	1261
Thr	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His	
380					385				390				395			
CCT	GGC	ATG	ATT	CAG	GTT	TTC	CTT	GGA	TAT	AGC	GGT	GCT	CAT	GAC	ATC	1309
Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Tyr	Ser	Gly	Ala	His	Asp	Ile	
		400					405				410					
GAA	GGA	AAT	GAA	CTT	CCC	CGA	CTG	GTT	TAC	GTC	TCT	AGA	GAG	AAG	AGA	1357
Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	
		415					420				425					
CCT	GGC	TAC	CAA	CAC	CAC	AAA	AAG	GCT	GGT	GCT	GAA	AAT	GCT	TTG	GTT	1405
Pro	Gly	Tyr	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Leu	Val	
		430					435				440					
AGG	GTG	TCT	GCA	GTT	CTT	ACA	AAT	GCT	CCC	TTC	ATC	CTC	AAT	CTT	GAT	1453
Arg	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Ala	Pro	Phe	Ile	Leu	Asn	Leu	Asp	
		445					450				455					
TGT	GAC	CAC	TAT	GTT	AAC	AAT	AGC	AAG	GCA	GTT	AGG	GAG	GCA	ATG	TGC	1501
Cys	Asp	His	Tyr	Val	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Val	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	
460					465				470			475				
TTC	TTG	ATG	GAC	CCA	CAA	GTC	GGT	CGA	GAT	GTC	TGC	TAT	GTG	CAG	TTT	1549
Phe	Leu	Met	Asp	Pro	Gln	Val	Gly	Arg	Asp	Val	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	
		480					485				490					
CCT	CAA	AGA	TTT	GAT	GGC	ATA	GAT	AGG	AGT	GAT	CGA	TAT	GCC	AAT	CGG	1597
Pro	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	Ser	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	
		495					500				505					
AAC	ACA	GTT	TTT	GAT	GTT	AAC	ATG	AAA	GGT	CTT	GAT	GGA	ATC	CAA		1645
Asn	Thr	Val	Phe	Phe	Asp	Val	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	
		510					515				520					
GGG	CCT	GTT	TAT	GTG	GGA	ACA	GGT	TGT	GTT	TTC	AAT	AGG	CAA	GCA	CTT	1693
Gly	Pro	Val	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Asn	Arg	Gln	Ala	Leu	
		525					530				535					
TAT	GGC	TAT	GGT	CCA	CCT	TCA	ATG	CCA	AGT	TTT	CCC	AAG	TCA	TCC	TCC	1741
Tyr	Gly	Tyr	Gly	Pro	Pro	Ser	Met	Pro	Ser	Phe	Pro	Lys	Ser	Ser	Ser	
540					545				550			555				
TCA	TCT	TGC	TCG	TGT	TGC	TGC	CCC	GGC	AAG	AAG	GAA	CCT	AAA	GAT	CCA	1789
Ser	Ser	Cys	Ser	Cys	Cys	Cys	Pro	Gly	Lys	Lys	Glu	Pro	Lys	Asp	Pro	
		560					565				570					
TCA	GAG	CTT	TAT	AGG	GAT	GCA	AAA	CGG	GAA	GAA	CTT	GAT	GCT	GCC	ATC	1837
Ser	Glu	Leu	Tyr	Arg	Asp	Ala	Lys	Arg	Glu	Glu	Leu	Asp	Ala	Ala	Ile	
		575					580				585					
TTT	AAC	CTT	AGG	GAA	ATT	GAC	AAT	TAT	GAT	GAG	TAT	GAA	AGA	TCA	ATG	1885
Phe	Asn	Leu	Arg	Glu	Ile	Asp	Asn	Tyr	Asp	Glu	Tyr	Glu	Arg	Ser	Met	
		590					595				600					

21		22
TTC ATC TCT CAA ACA AGC TTT GAG AAA ACT TTT GGC TTA TCT TCA GTC	1933	
Leu Ile Ser Gln Thr Ser Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Ser Val		
605 610 615		
TTC ATT GAA TCT ACA CTA ATG GAG AAT GGA GGA GTG GCT GAA TCT GCC	1981	
Phe Ile Glu Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Ala Glu Ser Ala		
620 625 630 635		
AAC CCT TCC ACA CTA ATC AAG GAA GCA ATT CAT GTC ATC GGC TGT GGC	2029	
Asn Pro Ser Thr Leu Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Gly Cys Gly		
640 645 650		
TAT GAG GAG AAG ACT GCA TGG GGG AAA GAG ATT GGA TGG ATA TAT GGT	2077	
Tyr Glu Glu Lys Thr Ala Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly		
655 660 665		
TCA GTC ACT GAG GAT ATC TTA ACC GGC TTC AAA ATG CAC TGC CGA GGA	2125	
Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly		
670 675 680		
TGG AGA TCG ATT TAC TGC ATG CCC TTA AGG CCA GCA TTC AAA GGA TCT	2173	
Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser		
685 690 695		
GCA CCC ATC AAT CTG TCT GAT CGG TTG CAC CAG GTT CTT CGA TGG GCT	2221	
Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala		
700 705 710 715		
CTT GGA TCT GTT GAA ATT TTC CTA AGC AGG CAT TGC CCT CTA TGG TAT	2269	
Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr		
720 725 730		
GGC TTT GGA GGT GGT CGT CTT AAA TGG CTT CAA AGA CTA GCA TAT ATA	2317	
Gly Phe Gly Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Leu Ala Tyr Ile		
735 740 745		
AAC ACC ATT GTC TAT CCT TTC ACA TCC CTT CCA CTC ATT GCC TAT TGT	2365	
Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Ile Ala Tyr Cys		
750 755 760		
TCA CTA CCA GCA ATC TGT CTT CTC ACA GGA AAA TTT ATC ATA CCA ACG	2413	
Ser Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr		
765 770 775		
CTC TCA AAC CTG GCA AGT GTT CTC TTT CTT GGC CTT TTC CTT TCC ATT	2461	
Leu Ser Asn Leu Ala Ser Val Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile		
780 785 790 795		
ATC GTG ACT GCT GTT CTC GAG CTC CGA TGG AGT GGT GTC AGC ATT GAG	2509	
Ile Val Thr Ala Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu		
800 805 810		
GAC TTA TGG CGT AAC GAG CAG TTT TGG GTC ATC GGT GGC GTT TCA GCC	2557	
Asp Leu Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala		
815 820 825		
CAT CTC TTT GCC GTC TTC CAA GGT TTC CTT AAG ATG CTT GCG GGC ATT	2605	
His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Phe Leu Lys Met Leu Ala Gly Ile		
830 835 840		
GAC ACC AAC TTT ACT GTC ACT GCC AAA GCA GCT GAT GAT GCA GAT TTT	2653	
Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ala Lys Ala Ala Asp Asp Ala Asp Phe		
845 850 855		
GGT GAG CTC TAC ATT GTG AAA TGG ACT ACA CTT CTA ATC CCT CCA ACA	2701	
Gly Glu Leu Tyr Ile Val Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr		

23	24
860	875
ACA CTC CTC ATC GTC AAC ATG GTT GGT -GTC GTT GCC GGA TTC TCC GAT	2749
Thr Leu Leu Ile Val Asn Met Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp	
880	885
GCC CTC AAC AAA GGG TAC GAA GCT TGG GGA CCA CTC TTT GGC AAA GTG	2797
Ala Leu Asn Lys Gly Tyr Glu Ala Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val	
895	900
TTC TTT TCC TTC TGG GTC ATC CTC CAT CTT TAT CCA TTC CTC AAA GGT	2845
Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly	
910	915
CIT ATG GGA CGC CAA AAC AGG ACA CCA ACC ATT GTT GTC CTT TGG TCA	2893
Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Leu Trp Ser	
925	930
GTG TTG TTG GCT TCT GTC TTC TCT CIT GTT TGG GTT CGG ATC AAC CCG	2941
Val Leu Leu Ala Ser Val Phe Ser Leu Val Trp Val Arg Ile Asn Pro	
940	945
TTT GTC AGC ACC GCC GAT AGC ACC ACC GTG TCA CAG AGC TGC ATT TCC	2989
Phe -Val Ser Thr Ala Asp Ser Thr Thr Val Ser Gln Ser Cys Ile Ser	
960	965
ATT GAT TGT TGATGATATT ATGTGTTTCT TAGAATTGAA ATCATTGCAA	3038
Ile Asp Cys	
GTAAGTGGAC TGAAACATGT CTATTGACTA AGTTTGAAC AGTTTGTACC CATTTTATTC	3098
TTAGCAGTGT GTAATTTTCC TAAACAATGC TATGAACATAT ACATATTTCA TTGATATTTA	3158
CATTAAATGA AACTACATCA GTCTGCAGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA	3207

【 0 0 7 5 】 配列番号 : 2

トポロジー : 直鎖状

配列の長さ : 974

配列の種類 : タンパク質

配列の型 : アミノ酸

配列

Met Met Glu Ser Gly Val Pro Val Cys His Thr Cys Gly Glu His Val	
1	5
Gly Leu Asn Val Asn Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys His Glu Cys Asn	
20	25
Phe Pro Ile Cys Lys Ser Cys Phe Glu Tyr Asp Leu Lys Glu Gly Gln	
35	40
Lys Ala Cys Leu Arg Cys Gly Ile Pro Tyr Asp Glu Asn Leu Leu Asp	
50	55
Asp Val Glu Lys Ala Thr Gly Asp Gln Ser Thr Met Ala Ala His Leu	
65	70
Ser Lys Ser Gln Asp Val Gly Ile His Ala Arg His Ile Ser Ser Val	
85	90
Ser Thr Leu Asp Ser Glu Met Thr Glu Asp Asn Gly Asn Pro Ile Trp	
100	105
Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Lys Asn Lys Lys Lys Lys	
115	120
Pro Ala Thr Thr Lys Val Glu Arg Glu Ala Glu Ile Pro Pro Glu Gln	
130	135
Gln Met Glu Asp Lys Pro Ala Pro Asp Ala Ser Gln Pro Leu Ser Thr	
145	150
Ile Ile Pro Ile Pro Lys Ser Arg Leu Ala Pro Tyr Arg Thr Val Ile	
165	170

25
 Ile Met Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Val Thr
 180 185- 190
 Asn Pro Val Asp Ser Ala Phe Gly Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys
 195 200 205
 Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
 210 215 220
 Tyr Pro Val Asn Arg Glu Thr Tyr Ile Asp Arg Leu Ser Ala Arg Tyr
 225 230 235 240
 Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Glu Leu Ala Ala Val Asp Phe Phe Val
 245 250 255
 Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr
 260 265 270
 Val Leu Ser Ile Leu Ala Leu Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys
 275 280 285
 Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Val
 290 295 300
 Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe
 305 310 315 320
 Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp
 325 330 335
 Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala
 340 345 350
 Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Tyr Lys Ile Arg Ile Asn Ala Leu Val
 355 360 365
 Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly
 370 375 380
 Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln
 385 390 395 400
 Val Phe Leu Gly Tyr Ser Gly Ala His Asp Ile Glu Gly Asn Glu Leu
 405 410 415
 Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Gln Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His
 420 425 430
 His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val
 435 440 445
 Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val
 450 455 460
 Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro
 465 470 475 480
 Gln Val Gly Arg Asp Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
 485 490 495
 Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe
 500 505 510
 Asp Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val
 515 520 525
 Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Gly Pro
 530 535 540
 Pro Ser Met Pro Ser Phe Pro Lys Ser Ser Ser Ser Cys Ser Cys
 545 550 555 560
 Cys Cys Pro Gly Lys Lys Glu Pro Lys Asp Pro Ser Glu Leu Tyr Arg
 565 570 575

27

28

Asp Ala Lys Arg Glu Glu Leu Asp Ala Ala Ile Phe Asn Leu Arg Glu
 580 585 590
 Ile Asp Asn Tyr Asp Glu Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Thr
 595 600 605
 Ser Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Ser Val Phe Ile Glu Ser Thr
 610 615 620
 Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Ala Glu Ser Ala Asn Pro Ser Thr Leu
 625 630 635 640
 Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Gly Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr
 645 650 655
 Ala Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp
 660 665 670
 Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr
 675 680 685
 Cys Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu
 690 695 700
 Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu
 705 710 715 720
 Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe Gly Gly Gly
 725 730 735
 Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr
 740 745 750
 Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Ser Leu Pro Ala Ile
 755 760 765
 Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Leu Ala
 770 775 780
 Ser Val Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile Ile Val Thr Ala Val
 785 790 795 800
 Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Leu Trp Arg Asn
 805 810 815
 Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val
 820 825 830
 Phe Gln Gly Phe Leu Lys Met Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr
 835 840 845
 Val Thr Ala Lys Ala Ala Asp Asp Ala Asp Phe Gly Glu Leu Tyr Ile
 850 855 860
 Val Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile Val
 865 870 875 880
 Asn Met Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Lys Gly
 885 890 895
 Tyr Glu Ala Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ser Phe Trp
 900 905 910
 Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln
 915 920 925
 Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser
 930 935 940
 Val Phe Ser Leu Val Trp Val Arg Ile Asn Pro Phe Val Ser Thr Ala
 945 950 955 960
 Asp Ser Thr Thr Val Ser Gln Ser Cys Ile Ser Ile Asp Cys
 965 970

29

30

【0076】配列番号：3

配列の長さ : 3311

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源

生物名：ワタ (*Gossypium hirsutum* L.)

株名 : Coker312

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：23..3142

特徴を決定した方法：S

配列

CTTTCGTTCT TTTGGTTTGG CC ATG GCT TCA ACC ACC ATG GCC GCT GGC TTT	52
Met Ala Ser Thr Thr Met Ala Ala Gly Phe	
1 5 10	
GGT TCA CTT GCT GTT GAC GAG AAT CGG GGA TCA TCG ACA CAT CAA TCA	100
Gly Ser Leu Ala Val Asp Glu Asn Arg Gly Ser Ser Thr His Gln Ser	
15 20 25	
TCA ACG AAA ATA TGC AGG GTG TGT GGG GAT AAG ATC GGG CAA AAG GAA	148
Ser Thr Lys Ile Cys Arg Val Cys Gly Asp Lys Ile Gly Gln Lys Glu	
30 35 40	
AAC GGA CAA CCG TTC GTG GCT TGT CAT GTC TGT GCT TTC CCG GTT TGC	196
Asn Gly Gln Pro Phe Val Ala Cys His Val Cys Ala Phe Pro Val Cys	
45 50 55	
CGT CCT TGT TAT GAA TAT GAA AGG AGT GAA GGA AAC CAG TGC TGT CCT	244
Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Ser Glu Gly Asn Gln Cys Cys Pro	
60 65 70	
CAG TGC AAT ACT CGC TAT AAG CGT CAC AAA GGT AGT CCA AGA ATT TCA	292
Gln Cys Asn Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Arg Ile Ser	
75 80 85 90	
GGA GAT GAA GAA GAT GAT TCA GAT CAA GAT GAT TTT GAT GAT GAA TTT	340
Gly Asp Glu Glu Asp Asp Ser Asp Gln Asp Asp Phe Asp Asp Glu Phe	
95 100 105	
CAG ATT AAG AAC CGC AAG GAT GAC TCC CAT CCA CAA CAT GAA AAT GAG	388
Gln Ile Lys Asn Arg Lys Asp Asp Ser His Pro Gln His Glu Asn Glu	
110 115 120	
GAA TAT AAT AAT AAT AAT CAT CAA TGG CAT CCC AAT GGT CAA GCT TTC	436
Glu Tyr Asn Asn Asn Asn His Gln Trp His Pro Asn Gly Gln Ala Phe	
125 130 135	
TCA GTT GCC GGA AGC ACG GCG GGG AAG GAT TTG GAA GGG GAT AAA GAG	484
Ser Val Ala Gly Ser Thr Ala Gly Lys Asp Leu Glu Gly Asp Lys Glu	
140 145 150	
ATT TAC GGA AGC GAA GAA TGG AAA GAA AGA GTT GAG AAA TGG AAA GTC	532
Ile Tyr Gly Ser Glu Glu Trp Lys Glu Arg Val Glu Lys Trp Lys Val	
155 160 165 170	
AGG CAA GAA AAA AGA GGT TTG GTA AGC AAC GAT AAT GGC GGA AAT GAT	580
Arg Gln Glu Lys Arg Gly Leu Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Asn Asp	
175 180 185	
CCT CCT GAA GAA GAT GAT TAT CTC TTG GCT GAA GCT CGC CAG CCT CTA	628
Pro Pro Glu Glu Asp Asp Tyr Leu Leu Ala Glu Ala Arg Gln Pro Leu	
190 195 200	
TGG CGA AAA GTG CCA ATT TCG TCA AGT CTG ATA AGC CCT TAC CGG ATA	676
Trp Arg Lys Val Pro Ile Ser Ser Ser Leu Ile Ser Pro Tyr Arg Ile	
205 210 215	

31	32
GTC ATC GTC CTC CGA TTC TTC ATC CTC GCA TTT TTC CTC CGG TTC CGT	724
Val Ile Val Leu Arg Phe Phe Ile Leu Ala Phe Phe Leu Arg Phe Arg	
220 225 230	
ATT CTA ACA CCC GCC TAC GAC GCT TAC CCG TTA TGG CTA ATC TCT GTC	772
Ile Leu Thr Pro Ala Tyr Asp Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Ile Ser Val	
235 240 245 250	
ATC TGC GAA GTT TGG TTC GCC TTC TCC TGG ATT CTC GAT CAG TTC CCT	820
Ile Cys Glu Val Trp Phe Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp Glu Phe Pro	
255 260 265	
AAA TGG TTC CCT ATT ACT CGC GAA ACT TAC CTC GAT CGC CTC TCC TTG	868
Lys Trp Phe Pro Ile Thr Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu	
270 275 280	
AGG TTC GAA CGT GAA GGA GAG CCC AAT CAA CTT GGC CCC GTC GAC GTC	916
Arg Phe Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Glu Leu Gly Pro Val Asp Val	
285 290 295	
TTC GTC AGT ACC GTT GAC CTT CTC AAG GAA CCC CCC ATC ATA ACC GCC	964
Phe Val Ser Thr Val Asp Leu Leu Lys Glu Pro Pro Ile Ile Thr Ala	
300 305 310	
AAC GCG GTT CTA TCG ATC TTG GCC GTC GAT TAC CCG GTC GAG AAA GTG	1012
Asn Ala Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val	
315 320 325 330	
TGT TGT TAT GTG TCG GAC GAT GGT GCT TCC ATG CTT CTT TTC GAT TCG	1060
Cys Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Leu Phe Asp Ser	
335 340 345	
TTG TCT GAA ACG GCT GAG TTC GCG AGG AGA TGG GTT CCG TTT TGT AAG	1108
Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys Lys	
350 355 360	
AAG CAT AAT GTT GAG CCC AGG GCG CCG GAG TTT TAT TTC AAT GAG AAG	1156
Lys His Asn Val Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Asn Glu Lys	
365 370 375	
ATT GAT TAT TTG AAG GAC AAG GTC CAT CCT AGC TTT GTT AAA GAA CGG	1204
Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg	
380 385 390	
AGA GCC ATG AAA AGG GAA TAT GAA GAA TTT AAA GTA AGG ATC AAT GCA	1252
Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala	
395 400 405 410	
TTA GTA GCA AAA GCT CAG AAG AAA CCA GAA GAA GGA TGG GTG ATG CAA	1300
Leu Val Ala Lys Ala Glu Lys Lys Pro Glu Glu Gly Trp Val Met Glu	
415 420 425	
GAT GGC ACC CCA TGG CCC GGA AAT AAC ACT CGT GAT CAT CCT GGA ATG	1348
Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met	
430 435 440	
ATT CAG GTC TAT CTA GGA AGT GCC GGT GCA CTC GAT GTG GAT GGC AAA	1396
Ile Glu Val Tyr Leu Gly Ser Ala Gly Ala Leu Asp Val Asp Gly Lys	
445 450 455	
GAG CTG CCT CGA CTT GTC TAT GTT TCT CGT GAG AAA CGA CCT GGT TAT	1444
Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr	
460 465 470	
CAG CAC CAT AAG AAA GCC GGT GCT GAG AAT GCT CTG GTT CGA GTT TCT	1492
Glu His His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg Val Ser	

33				34
475	480	485	490	
GCA GTG CTT ACT AAT GCA CCC TTC ATA-TTG AAT CTG GAT TGT GAT CAT				1540
Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His				
495	500	505		
TAC ATC AAC AAT AGC AAG GCC ATG AGG GAA GCG ATG TGC TTT TTA ATG				1588
Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Met Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met				
510	515	520		
GAT CCT CAG TTT GGA AAG AAG CTT TGT TAT GTT CAA TTT CCA CAG AGA				1636
Asp Pro Gln Phe Gly Lys Lys Leu Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg				
525	530	535		
TTT GAT GGT ATT GAT CGT CAT GAT CGA TAT GCT AAT CGA AAT GTT GTC				1684
Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val				
540	545	550		
TTC TTT GAT ATC AAC ATG TTG GGA TTA GAT GGA CTT CAA GGC CCT GTA				1732
Phe Phe Asp Ile Asn Met Leu Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val				
555	560	565	570	
TAT GTA GGC ACA GGG TGT GTT TTC AAC AGG CAG GCA TTG TAT GGC TAC				1780
Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr				
575	580	585		
GAT CCA CCA GTC TCT GAG AAA CGA CCA AAG ATG ACA TGT GAT TGC TGG				1828
Asp Pro Pro Val Ser Glu Lys Arg Pro Lys Met Thr Cys Asp Cys Trp				
590	595	600		
CCT TCT TGG TGT TGC TGT TGT TGC GGA GGT TCT AGG AAG AAA TCA AAG				1876
Pro Ser Trp Cys Cys Cys Cys Cys Gly Gly Ser Arg Lys Lys Ser Lys				
605	610	615		
AAG AAA GGT GAA AAG AAG GGC TTA CTC GGA GGT CTT TTA TAC GGA AAA				1924
Lys Lys Gly Glu Lys Lys Gly Leu Leu Gly Gly Leu Leu Tyr Gly Lys				
620	625	630		
AAG AAG AAG ATG ATG GGC AAA AAC TAT GTG AAA AAA GGG TCT GCA CCA				1972
Lys Lys Lys Met Met Gly Lys Asn Tyr Val Lys Lys Gly Ser Ala Pro				
635	640	645	650	
GTC TTT GAT CTC GAA GAA ATC GAA GAA GGG CTT GAA GGA TAC GAA GAA				2020
Val Phe Asp Leu Glu Glu Ile Glu Glu Gly Leu Glu Gly Tyr Glu Glu				
655	660	665		
TTG GAG AAA TCG ACA TTA ATG TCG CAG AAG AAT TTC GAG AAA CGA TTC				2068
Leu Glu Lys Ser Thr Leu Met Ser Gln Lys Asn Phe Glu Lys Arg Phe				
670	675	680		
GGA CAA TCA CCG GTT TTC ATT GCC TCA ACT TTG ATG GAA AAT GGT GGC				2116
Gly Gln Ser Pro Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly				
685	690	695		
CTT CCT GAA GGA ACT AAT TCC ACA TCA CTG ATT AAA GAG GCC ATT CAC				2164
Leu Pro Gln Gly Thr Asn Ser Thr Ser Leu Ile Lys Glu Ala Ile His				
700	705	710		
GTA ATT AGC TGT GGT TAT GAA GAA AAA ACT GAG TGG GGC AAA GAG ATC				2212
Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile				
715	720	725	730	
GGA TGG ATT TAT GGG TCG GTG ACG GAA GAT ATA TTA ACA GGT TTC AAG				2260
Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys				
735	740	745		
ATG CAT TGT AGA GGG TGG AAA TCG GTT TAT TGT GTA CCG AAA AGA CCG				2308

35

36

Met	His	Cys	Arg	Gly	Trp	Lys	Ser	Val	Tyr	Cys	Val	Pro	Lys	Arg	Pro	
			750					755				760				
GCA	TTC	AAA	GGG	TCC	GCT	CCA	ATC	AAT	CTC	TCG	GAT	CGG	TTG	CAC	CAA	2356
Ala	Phe	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	His	Gln	
			765					770				775				
GTT	TTG	AGA	TGG	GCA	CTT	GGT	TCT	GTA	GAA	ATT	TTC	CTT	AGT	CGT	CAC	2404
Val	Leu	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Phe	Leu	Ser	Arg	His	
			780					785				790				
TGT	CCA	CTT	TGG	TAT	GGT	TAT	GGT	GGA	AAA	CTG	AAA	TGG	CTC	GAG	AGG	2452
Cys	Pro	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Lys	Leu	Lys	Trp	Leu	Glu	Arg	
795					800					805					810	
CTT	GCT	TAT	ATC	AAC	ACC	ATT	GTT	TAC	CCT	TTC	ACC	TCG	ATC	CCT	TTA	2500
Leu	Ala	Tyr	Ile	Asn	Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Phe	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	
			815					820				825				
CTC	GCC	TAT	TGT	ACT	ATT	CCA	GCT	GTT	IGT	CTT	CTC	ACC	GGC	AAA	TTC	2548
Leu	Ala	Tyr	Cys	Thr	Ile	Pro	Ala	Val	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Phe	
			830					835				840				
ATC	ATT	CCA	ACT	CTA	AGC	AAC	CTT	ACA	AGT	GTG	TGG	TTC	TTG	GCA	CTT	2596
Ile	Ile	Pro	Thr	Leu	Ser	Asn	Leu	Thr	Ser	Val	Trp	Phe	Leu	Ala	Leu	
			845					850				855				
TTC	CTC	TCC	ATC	ATT	GCA	ACT	GGA	GTG	CTT	GAA	CTT	CGA	TGG	AGC	GGG	2644
Phe	Leu	Ser	Ile	Ile	Ala	Thr	Gly	Val	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	
			860					865				870				
GTT	AGC	ATC	CAA	GAC	TGG	TGG	CGC	AAT	GAA	CAA	TTC	TGG	GTG	ATC	GGA	2692
Val	Ser	Ile	Gln	Asp	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	
875					880					885					890	
GGT	GTC	TCC	GCC	CAT	CTT	TTT	GCT	GTC	TTC	CAG	GGC	CTC	CTC	AAA	GTC	2740
Gly	Val	Ser	Ala	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	
			895					900				905				
CTA	GCT	GGA	GTA	GAC	ACC	AAC	TTC	ACC	GTA	ACA	GCA	AAA	GCA	GCA	GAC	2788
Leu	Ala	Gly	Val	Asp	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ala	Lys	Ala	Ala	Asp	
			910					915				920				
GAT	ACA	GAA	TTC	GGT	GAA	CTT	TAT	CTC	TTC	AAA	TGG	ACA	ACT	CTC	TTA	2836
Asp	Thr	Glu	Phe	Gly	Glu	Leu	Tyr	Leu	Phe	Lys	Trp	Thr	Thr	Leu	Leu	
			925					930				935				
ATC	CCT	CCC	ACA	ACT	CTG	ATA	ATA	CTG	AAC	ATG	GTC	GGA	GTC	GTG	GCC	2884
Ile	Pro	Pro	Thr	Thr	Leu	Ile	Ile	Leu	Asn	Met	Val	Gly	Val	Val	Ala	
			940					945				950				
GGA	GTT	TCA	GAC	GCA	ATC	AAC	AAC	GGC	TAT	GGT	TCA	TGG	GGT	CCA	TTG	2932
Gly	Val	Ser	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	Gly	Tyr	Gly	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	
955					960					965					970	
TTC	GGC	AAA	CTG	TTC	TTC	GCA	TTC	TGG	GTC	ATT	CTT	CAT	CTT	TAC	CCA	2980
Phe	Gly	Lys	Leu	Phe	Phe	Ala	Phe	Trp	Val	Ile	Leu	His	Leu	Tyr	Pro	
			975					980				985				
TTC	CTC	AAA	GGT	TTG	ATG	GGG	AGA	CAA	AAC	AGG	ACG	CCC	ACC	ATT	GTT	3028
Phe	Leu	Lys	Gly	Leu	Met	Gly	Arg	Gln	Asn	Arg	Thr	Pro	Thr	Ile	Val	
			990					995				1000				
GTG	CTT	TGG	TCC	ATA	CTT	TTG	GCA	TCG	ATT	TTC	TCA	CTG	GTT	TGG	GTA	3076
Val	Leu	Trp	Ser	Ile	Leu	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	Ser	Leu	Val	Trp	Val	
			1005					1010				1015				

37
CGG ATC GAT CCC TTC TTG CCC AAA CAA ACA GGT CCA GTT CTT AAA CAA 3124
Arg Ile Asp Pro Phe Leu Pro Lys Gln Thr Gly Pro Val Leu Lys Gln
1020 1025 1030
TGT GGC GTG GAG TGC TAAATGGTGT TTTACAAACC TTTCITATTA TTTTATTTTC 3179
Cys Gly Val Glu Cys
1035
CCTTTTGGC ACTACTGTTG ATTTGCTGTG ATTCTAAAAG GGATTTATCT TGTTCGTAAA 3239
AAGTCTCCTA TGATTTTGT GGTCAATTT AATTCTATA TGGTAAAAAA ATATTTCITT 3299
AAATTAATA TA 3311

【0077】配列番号：4

10 トポロジー：直鎖状

配列の長さ：1039

配列の種類：タンパク質

配列の型：アミノ酸

配列

Met Ala Ser Thr Thr Met Ala Ala Gly Phe Gly Ser Leu Ala Val Asp
1 5 10 15
Glu Asn Arg Gly Ser Ser Thr His Gln Ser Ser Thr Lys Ile Cys Arg
20 25 30
Val Cys Gly Asp Lys Ile Gly Gln Lys Glu Asn Gly Gln Pro Phe Val
35 40 45
Ala Cys His Val Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr
50 55 60
Glu Arg Ser Glu Gly Asn Gln Cys Cys Pro Gln Cys Asn Thr Arg Tyr
65 70 75 80
Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Arg Ile Ser Gly Asp Glu Glu Asp Asp
85 90 95
Ser Asp Gln Asp Asp Phe Asp Asp Glu Phe Gln Ile Lys Asn Arg Lys
100 105 110
Asp Asp Ser His Pro Gln His Glu Asn Glu Glu Tyr Asn Asn Asn Asn
115 120 125
His Gln Trp His Pro Asn Gly Gln Ala Phe Ser Val Ala Gly Ser Thr
130 135 140
Ala Gly Lys Asp Leu Glu Gly Asp Lys Glu Ile Tyr Gly Ser Glu Glu
145 150 155 160
Trp Lys Glu Arg Val Glu Lys Trp Lys Val Arg Gln Glu Lys Arg Gly
165 170 175
Leu Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Asn Asp Pro Pro Glu Glu Asp Asp
180 185 190
Tyr Leu Leu Ala Glu Ala Arg Gln Pro Leu Trp Arg Lys Val Pro Ile
195 200 205
Ser Ser Ser Leu Ile Ser Pro Tyr Arg Ile Val Ile Val Leu Arg Phe
210 215 220
Phe Ile Leu Ala Phe Phe Leu Arg Phe Arg Ile Leu Thr Pro Ala Tyr
225 230 235 240
Asp Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Val Trp Phe
245 250 255
Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Thr
260 265 270
Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Glu Arg Glu Gly
275 280 285
Glu Pro Asn Gln Leu Gly Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp

39
 290 295 300
 Leu Leu Lys Glu Pro Pro Ile Ile Thr-Ala Asn Ala Val Leu Ser Ile
 305 310 315 320
 Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Cys Cys Tyr Val Ser Asp
 325 330 335
 Asp Gly Ala Ser Met Leu Leu Phe Asp Ser Leu Ser Glu Thr Ala Glu
 340 345 350
 Phe Ala Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys His Asn Val Glu Pro
 355 360 365
 Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Asn Glu Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp
 370 375 380
 Lys Val His Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu
 385 390 395 400
 Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln
 405 410 415
 Lys Lys Pro Glu Glu Gly Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro
 420 425 430
 Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Tyr Leu Gly
 435 440 445
 Ser Ala Gly Ala Leu Asp Val Asp Gly Lys Glu Leu Pro Arg Leu Val
 450 455 460
 Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala
 465 470 475 480
 Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala
 485 490 495
 Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys
 500 505 510
 Ala Met Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Phe Gly Lys
 515 520 525
 Lys Leu Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg
 530 535 540
 His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met
 545 550 555 560
 Leu Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys
 565 570 575
 Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Pro Val Ser Glu
 580 585 590
 Lys Arg Pro Lys Met Thr Cys Asp Cys Trp Pro Ser Trp Cys Cys Cys
 595 600 605
 Cys Cys Gly Gly Ser Arg Lys Lys Ser Lys Lys Lys Gly Glu Lys Lys
 610 615 620
 Gly Leu Leu Gly Gly Leu Leu Tyr Gly Lys Lys Lys Lys Met Met Gly
 625 630 635 640
 Lys Asn Tyr Val Lys Lys Gly Ser Ala Pro Val Phe Asp Leu Glu Glu
 645 650 655
 Ile Glu Glu Gly Leu Glu Gly Tyr Gln Glu Leu Glu Lys Ser Thr Leu
 660 665 670
 Met Ser Gln Lys Asn Phe Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe
 675 680 685
 Ile Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Leu Pro Glu Gly Thr Asn

41
 690 695 700
 Ser Thr Ser Leu Ile Lys Glu Ala Ile-His Val Ile Ser Cys Gly Tyr
 705 710 715 720
 Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser
 725 730 735
 Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp
 740 745 750
 Lys Ser Val Tyr Cys Val Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala
 755 760 765
 Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu
 770 775 780
 Gly Ser Val Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly
 785 790 795 800
 Tyr Gly Gly Lys Leu Lys Trp Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr
 805 810 815
 Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Ile
 820 825 830
 Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser
 835 840 845
 Asn Leu Thr Ser Val Trp Phe Leu Ala Leu Phe Leu Ser Ile Ile Ala
 850 855 860
 Thr Gly Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Gln Asp Trp
 865 870 875 880
 Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu
 885 890 895
 Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Val Asp Thr
 900 905 910
 Asn Phe Thr Val Thr Ala Lys Ala Ala Asp Asp Thr Glu Phe Gly Glu
 915 920 925
 Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu
 930 935 940
 Ile Ile Leu Asn Met Val Gly Val Val Ala Gly Val Ser Asp Ala Ile
 945 950 955 960
 Asn Asn Gly Tyr Gly Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
 965 970 975
 Ala Phe Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met
 980 985 990
 Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Leu Trp Ser Ile Leu
 995 1000 1005
 Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Val Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Leu
 1010 1015 1020
 Pro Lys Gln Thr Gly Pro Val Leu Lys Gln Cys Gly Val Glu Cys
 1025 1030 1035

【0078】配列番号：5

配列の長さ：2033

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源

生物名：ワタ (*Gossypium hirsutum* L.)

株名：Coker312

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：1..1857

特徴を決定した方法：S

43

44

配列

CCG ACA TTC GTG AAG GAG CGT CGA GCT ATG AAG AGA GAA TAT GAA GAA	48
Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu	
1 5 10 15	
TTC AAG GTT AGG ATA AAT GCA CTT GTA GCC AAA GCC CAA AAG GTT CCT	96
Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro	
20 25 30	
CCA GAA GGG TGG ATC ATG CAA GAT GGG ACA CCA TGG CCA GGA AAC AAT	144
Pro Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn	
35 40 45	
ACT AAA GAT CAC CCT GGT ATG ATT CAA GTA TTT CTC GGT CAA AGT GGA	192
Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly	
50 55 60	
GGC CAT GAT ACC GAA GGA AAT GAG CTT CCT CGT CTC GTC TAT GTA TCT	240
Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser	
65 70 75 80	
CGA GAG AAA AGG CCT GGT TTC TTG CAT CAC AAG AAA GCT GGT GCC ATG	288
Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Leu His His Lys Lys Ala Gly Ala Met	
85 90 95	
AAC GCC CTT GTT CGG GTC TCG GGG GTG CTC ACA AAT GCT CCT TTT ATG	336
Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Gly Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met	
100 105 110	
TTG AAC TTG GAT TGT GAC CAT TAT TTA AAT AAC AGC AAG GCT GTA AGA	384
Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Leu Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg	
115 120 125	
GAG GCT ATG TGT TTC TTG ATG GAC CCT CAA ATT GGA AGA AAG GTT TGC	432
Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Ile Gly Arg Lys Val Cys	
130 135 140	
TAT GTC CAA TTC CCT CAA CGT TTC GAT GGT ATT GAT AGA CAT GAT CGA	480
Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg	
145 150 155 160	
TAT GCC AAT CGG AAC ACA GTT TTC TTT GAT ATT AAC ATG AAA GGT CTA	528
Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu	
165 170 175	
GAT GGT ATA CAA GGC CCT GTA TAT GTC GGC ACG GGG TGT GTT TTC AGA	576
Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg	
180 185 190	
AGG CAA GCT CTT TAT GGT TAT GAA CCT CCA AAG GGA CCT AAG CGC CCG	624
Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro	
195 200 205	
AAA ATG GTA ACC TGT GGT TGC TGC CCT TGT TTT GGA CGC CGC AGA AAG	672
Lys Met Val Thr Cys Gly Cys Cys Pro Cys Phe Gly Arg Arg Arg Lys	
210 215 220	
GAC AAA AAG CAC TCT AAG GAT GGT GGA AAT GCA AAT GGT CTA AGC CTA	720
Asp Lys Lys His Ser Lys Asp Gly Gly Asn Ala Asn Gly Leu Ser Leu	
225 230 235 240	
GAA GCA GCC AAA GAT GAC AAG GAG TTA TTG ATG TCC CAC ATG AAC TTT	768
Glu Ala Ala Lys Asp Asp Lys Glu Leu Leu Met Ser His Met Asn Phe	
245 250 255	
GAA AAG AAA TTT GGA CAA TCA GCC ATT TTT GTA ACT TCA ACA CTG ATG	816

45		46
Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ala Ile Phe Val Thr Ser Thr Leu Met		
260	265	270
GAA CAA GGT GGT GTC CCT CCT TCT TCA AGC CCC GCA GCT TTG CTC AAA		864
Glu Gln Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala Ala Leu Leu Lys		
275	280	285
GAA GCC ATT CAT GTA ATT AGT TGT GGT TAT GAA GAC AAA ACA GAA TGG		912
Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp		
290	295	300
GGA AGC GAG CTT GGC TGG ATT TAC GGC TCG ATT ACA GAA GAT ATC TTA		960
Gly Ser Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu		
305	310	315
ACA GGA TTC AAG ATG CAT TGC CGT GGA TGG AGA TCA ATA TAC TGC ATG		1008
Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met		
325	330	335
CCA AAG TTG CCT GCA TTC AAG GGT TCA GCT CCC ATC AAT CTA TCG GAT		1056
Pro Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp		
340	345	350
CGT CTA AAC CAA GTC CTT CGA TGG GCA CTC GGT TCT GTT GAA ATT TTC		1104
Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe		
355	360	365
TTT AGT CAT CAT TGC CCA GCA TGG TAT GGT TTC AAG GGA GGA AAG CTA		1152
Phe Ser His His Cys Pro Ala Trp Tyr Gly Phe Lys Gly Gly Lys Leu		
370	375	380
AAA TGG CTT GAA CGA TTC GCA TAT GTC AAC ACA ACC ATC TAC CCC TTC		1200
Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Phe		
385	390	395
ACA TCT TTA CCA CTT CTC GCC TAT TGT ACC CTA CCG GCA ATC TGT TTA		1248
Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu		
405	410	415
CTT ACC GAT AAA TTT ATC ATG CCA CCG ATA AGC ACC TTT GCA AGT CTA		1296
Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr Phe Ala Ser Leu		
420	425	430
TTC TTC ATT GCC TTG TTT CTT TCA ATC TTT GCA ACT GGT ATT CTC GAG		1344
Phe Phe Ile Ala Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu		
435	440	445
CTA AGG TGG AGT GGA GTA AGC ATT GAA GAA TGG TGG AGG AAT GAG CAA		1392
Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln		
450	455	460
TTT TGG GTC ATC GGT GGC ATT TCG GCA CAT TTG TTC GCT GTT ATC CAA		1440
Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Ile Gln		
465	470	475
GGC TTG TTG AAA GTT CTA GCT GGT ATT GAC ACT AAT TTC ACT GTC ACA		1488
Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr		
485	490	495
TCC AAG GCA ACT GAT GAC GAG GAG TTC GGG GAA TTG TAT ACT TTC AAA		1536
Ser Lys Ala Thr Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Thr Phe Lys		
500	505	510
TGG ACA ACC CTT CTA ATT CCT CCT ACT ACC GTC TTA ATC ATC AAT TTA		1584
Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Ile Ile Asn Leu		
515	520	525

フラグメント型 : C-terminal

Pro	Thr	Phe	Val	Lys	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu
1				5						10				15	
Phe	Lys	Val	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro
			20						25				30		
Pro	Glu	Gly	Trp	Ile	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asu
		35						40				45			
Thr	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Gln	Ser	Gly
	50					55					60				
Gly	His	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser
65						70				75					80
Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe	Leu	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met
				85					90					95	
Asn	Ala	Leu	Val	Arg	Val	Ser	Gly	Val	Leu	Thr	Asn	Ala	Pro	Phe	Met
			100						105				110		
Leu	Asn	Leu	Asp	Cys	Asp	His	Tyr	Leu	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Val	Arg
	115						120					125			
Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Leu	Met	Asp	Pro	Gln	Ile	Gly	Arg	Lys	Val	Cys
	130					135					140				
Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	His	Asp	Arg
145					150				155						160
Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Thr	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu
			165						170					175	
Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Val	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Arg
		180						185					190		
Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	Glu	Pro	Pro	Lys	Gly	Pro	Lys	Arg	Pro

49
 195
 Lys Met Val Thr Cys Gly Cys Cys Pro Cys Phe Gly Arg Arg Arg Lys
 210
 215
 220
 Asp Lys Lys His Ser Lys Asp Gly Gly Asn Ala Asn Gly Leu Ser Leu
 225
 230
 235
 240
 Glu Ala Ala Lys Asp Asp Lys Glu Leu Leu Met Ser His Met Asn Phe
 245
 250
 255
 Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ala Ile Phe Val Thr Ser Thr Leu Met
 260
 265
 270
 Glu Gln Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala Ala Leu Leu Lys
 275
 280
 285
 Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp
 290
 295
 300
 Gly Ser Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu
 305
 310
 315
 320
 Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met
 325
 330
 335
 Pro Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp
 340
 345
 350
 Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe
 355
 360
 365
 Phe Ser His His Cys Pro Ala Trp Tyr Gly Phe Lys Gly Gly Lys Leu
 370
 375
 380
 Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Phe
 385
 390
 395
 400
 Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu
 405
 410
 415
 Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr Phe Ala Ser Leu
 420
 425
 430
 Phe Phe Ile Ala Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu
 435
 440
 445
 Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln
 450
 455
 460
 Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Ile Gln
 465
 470
 475
 480
 Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr
 485
 490
 495
 Ser Lys Ala Thr Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Thr Phe Lys
 500
 505
 510
 Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Ile Ile Asn Leu
 515
 520
 525
 Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Gln
 530
 535
 540
 Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile
 545
 550
 555
 560
 Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg
 565
 570
 575
 Thr Pro Thr Ile Val Val Ile Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe
 580
 585
 590
 Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Val Met Lys Thr Lys Gly

51

52

595

600

605

Pro Asp Thr Thr Met Cys Gly Ile Asn Cys

610

615

【0080】配列番号：7

生物名：ワタ (*Gossypium hirsutum* L.)

配列の長さ：1086

株名：Coker312

配列の型：核酸

配列の特徴

鎖の数：二本鎖

特徴を表す記号：CDS

トポロジー：直鎖状

存在位置：24..1086

配列の種類：cDNA to mRNA

特徴を決定した方法：S

起源

10

配列

GGCACCAGCT TTCATATCCT CCA ATG GAA GCC AGC GCC GGA CTC GTT GCG 50
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala
1 5
GGC TCT CAC AAC CGC AAT GAA CTT GTT GTC ATT CAT GGC CAT GAA GAG 98
Gly Ser His Asn Arg Asn Glu Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu
10 15 20 25
CCT AAA CCT CTG AAG AAC TTG GAT GGT CAA GTT TGT GAG ATT TGT GGT 146
Pro Lys Pro Leu Lys Asn Leu Asp Gly Glu Val Cys Glu Ile Cys Gly
30 35 40
GAT GAA ATT GGG TTG ACG GTC GAT GGA GAT CTT TTC GTG GCC TGC AAC 194
Asp Glu Ile Gly Leu Thr Val Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn
45 50 55
GAG TGT GGT TTT CCA GTT TGT AGG CCT TGT TAT GAG TAT GAA AGG AGA 242
Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg
60 65 70
GAA GGG AGT CAA CAA TGT CCT CAA TGC AAA ACT AGA TAC AAG CGT CTC 290
Glu Gly Ser Gln Gln Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu
75 80 85
AAG GGG AGT CCG AGG GTG GAG GGA GAT GAA GAT GAA GAG GAT GTG GAT 338
Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp
90 95 100 105
GAT ATC GAA CAT GAA TTC AAC ATT GAT GAT GAA CAA AAC AAG TAT AGA 386
Asp Ile Glu His Glu Phe Asn Ile Asp Asp Glu Gln Asn Lys Tyr Arg
110 115 120
AAT ATC GCT GAA TCG ATG CTT CAT GGA AAG ATG AGC TAC GGG AGA GGC 434
Asn Ile Ala Glu Ser Met Leu His Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly
125 130 135
CCT GAA GAC GAT GAA GGT TTG CAA ATC CCA CCC GGT TTA GCT GGT GTT 482
Pro Glu Asp Asp Glu Gly Leu Gln Ile Pro Pro Gly Leu Ala Gly Val
140 145 150
CGA TCT CGG CCG GTG AGC GGG GAG TTC CCA ATA GGA AGC TCT CTT GCT 530
Arg Ser Arg Pro Val Ser Gly Glu Phe Pro Ile Gly Ser Ser Leu Ala
155 160 165
TAT GGG GAA CAC ATG TCA AAT AAA CGA GTT CAT CCA TAT CCT ATG TCT 578
Tyr Gly Glu His Met Ser Asn Lys Arg Val His Pro Tyr Pro Met Ser
170 175 180 185
GAA CCT GGA AGT GCA AGA TGG GAT GAA AAG AAA GAG GGA GGA TGG AGA 626
Glu Pro Gly Ser Ala Arg Trp Asp Glu Lys Lys Glu Gly Gly Trp Arg
190 195 200

53		54
GAA AGG ATG GAT GAT TGG AAA ATG CAG CAA GGG AAT TTG GGT CCT GAA		674
Glu Arg Met Asp Asp Trp Lys Met Gln-Gln Gly Asn Leu Gly Pro Glu		
205	210	215
CCT GAT GAT GCC TAT GAT GCT GAC ATG GCT ATG CTT GAT GAA GCT AGG		722
Pro Asp Asp Ala Tyr Asp Ala Asp Met Ala Met Leu Asp Glu Ala Arg		
220	225	230
CAG CCA TTG TCA AGG AAA GTG CCA ATT GCA TCG AGC AAA ATC AAT CCT		770
Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser Lys Ile Asn Pro		
235	240	245
TAT CGT ATG GTG ATT GTG GCT CGT CTA GTT ATC CTT GCT TTC TTT CTT		818
Tyr Arg Met Val Ile Val Ala Arg Leu Val Ile Leu Ala Phe Phe Leu		
250	255	260
CGC TAT CGG ATT TTG AAC CCG GTA CAT GAT GCA ATT GGG CTT TGG CTA		866
Arg Tyr Arg Ile Leu Asn Pro Val His Asp Ala Ile Gly Leu Trp Leu		
270	275	280
ACT TCT GTG ATC TGT GAA ATC TGG TTT GCC TTT TCA TGG ATC CTT GAT		914
Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp		
285	290	295
CAG TTC CCT AAA TGG TTC CCT ATT GAC CGC GAG ACG TAT CTC GAT CGC		962
Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg		
300	305	310
CTT TCC CTC AGG TAT GAG AGG GAA GGT GAG CCC AAC ATG CTT GCT TCT		1010
Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Met Leu Ala Ser		
315	320	325
GTT GAT ATT TTT GTC AGT ACA GTG GAT CCA TTG AAG GGA CCT CCT CTA		1058
Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Gly Pro Pro Leu		
330	335	340
GTA ACA GCG AAT ACA GTT CTA TCG ATC T		1086
Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile		
350		

【 0 0 8 1 】 配列番号 : 8

配列の長さ : 354

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

フラグメント型 : N-terminal

配列

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu	
1	15
Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu Pro Lys Pro Leu Lys Asn Leu	
20	30
Asp Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Glu Ile Gly Leu Thr Val	
35	45
Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys	
50	60
Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser Gln Gln Cys Pro	
65	80
Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu	
85	95
Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Asn	
100	110
Ile Asp Asp Glu Gln Asn Lys Tyr Arg Asn Ile Ala Glu Ser Met Leu	
115	125

55 56

His Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Glu Gly Leu
 130 135 140

Gln Ile Pro Pro Gly Leu Ala Gly Val Arg Ser Arg Pro Val Ser Gly
 145 150 155 160

Glu Phe Pro Ile Gly Ser Ser Leu Ala Tyr Gly Glu His Met Ser Asn
 165 170 175

Lys Arg Val His Pro Tyr Pro Met Ser Glu Pro Gly Ser Ala Arg Trp
 180 185 190

Asp Glu Lys Lys Glu Gly Gly Trp Arg Glu Arg Met Asp Asp Trp Lys
 195 200 205

Met Gln Gln Gly Asn Leu Gly Pro Glu Pro Asp Asp Ala Tyr Asp Ala
 210 215 220

Asp Met Ala Met Leu Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val
 225 230 235 240

Pro Ile Ala Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Ala
 245 250 255

Arg Leu Val Ile Leu Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Ile Leu Asn Pro
 260 265 270

Val His Asp Ala Ile Gly Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile
 275 280 285

Trp Phe Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro
 290 295 300

Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Arg
 305 310 315 320

Glu Gly Glu Pro Asn Met Leu Ala Ser Val Asp Ile Phe Val Ser Thr
 325 330 335

Val Asp Pro Leu Lys Gly Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu
 340 345 350

Ser Ile

【 0 0 8 2 】 配列番号 : 9

配列の長さ : 1000

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源

生物名 : ワタ (*Gossypium hirsutum* L.)

株名 : Coker312

配列の特徴

特徴を表す記号 : CDS

存在位置 : 1..1000

特徴を決定した方法 : S

配列

GAC AAA GTC CCG CCG ACA TTC GTG AAG GAG CGT CGA GCT ATG AAG AGA 48
 Asp Lys Val Arg Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg
 1 5 10 15

GAA TAT GAA GAA TTC AAG GTT AGG ATA AAT GCA CTT GTA GCC AAA GCC 96
 Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala
 20 25 30

CAA AAG GTT CCT CCA GAA GGG TGG ATC ATG CAA GAT GGG ACA CCA TGG 144
 Gln Lys Val Pro Pro Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp
 35 40 45

CCA GGA AAC AAT ACT AAA GAT CAC CCT GGT ATG ATT CAA GTA TTT CTC 192
 Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu
 50 55 60

57																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

59

60

325

330

【0083】配列番号: 10

配列の長さ: 333

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

フラグメント型: internal

Asp Lys Val Arg Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg
 1 5 10 15
 Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala
 20 25 30
 Glu Lys Val Pro Pro Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp
 35 40 45
 Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu
 50 55 60
 Gly Gln Ser Gly Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu
 65 70 75 80
 Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Leu His His Lys Lys
 85 90 95
 Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Gly Val Leu Thr Asn
 100 105 110
 Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Leu Asn Asn Ser
 115 120 125
 Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Ile Gly
 130 135 140
 Arg Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp
 145 150 155 160
 Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn
 165 170 175
 Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly
 180 185 190
 Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Lys Gly
 195 200 205
 Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Thr Cys Gly Cys Cys Pro Cys Phe Gly
 210 215 220
 Arg Arg Arg Lys Asp Lys Lys His Ser Lys Asp Gly Gly Asn Ala Asn
 225 230 235 240
 Gly Leu Ser Leu Glu Ala Ala Glu Asp Asp Lys Glu Leu Leu Met Ser
 245 250 255
 His Met Asn Phe Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ala Ile Phe Val Thr
 260 265 270
 Ser Thr Leu Met Glu Gln Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala
 275 280 285
 Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
 290 295 300
 Lys Thr Glu Trp Gly Ser Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr
 305 310 315 320
 Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly
 325 330

【0084】配列番号: 11

配列の長さ: 333

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

フラグメント型: C-terminal

配列の特徴

50 特徴を表す記号:

61

62

存在位置：

他の情報：XaaはGlu又はLysを表す

特徴を決定した方法：S

配列

```

Asp Lys Val Arg Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg
 1           5           10          15
Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala
      20           25           30
Gln Lys Val Pro Pro Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp
      35           40           45
Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu
      50           55           60
Gly Gln Ser Gly Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu
      65           70           75           80
Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Leu His His Lys Lys
      85           90           95
Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Gly Val Leu Thr Asn
      100          105          110
Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Leu Asn Asn Ser
      115          120          125
Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Ile Gly
      130          135          140
Arg Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp
      145          150          155          160
Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn
      165          170          175
Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly
      180          185          190
Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Lys Gly
      195          200          205
Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Thr Cys Gly Cys Cys Pro Cys Phe Gly
      210          215          220
Arg Arg Arg Lys Asp Lys Lys His Ser Lys Asp Gly Gly Asn Ala Asn
      225          230          235          240
Gly Leu Ser Leu Glu Ala Ala Xaa Asp Asp Lys Glu Leu Leu Met Ser
      245          250          255
His Met Asn Phe Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ala Ile Phe Val Thr
      260          265          270
Ser Thr Leu Met Glu Gln Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala
      275          280          285
Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
      290          295          300
Lys Thr Glu Trp Gly Ser Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr
      305          310          315          320
Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser
      325          330          335
Ile Tyr Cys Met Pro Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile
      340          345          350
Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
      355          360          365
Val Glu Ile Phe Phe Ser His His Cys Pro Ala Trp Tyr Gly Phe Lys

```

63
 370 375 380
 Gly Gly Lys Leu Lys Trp Leu Glu Arg-Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr
 385 390 395 400
 Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro
 405 410 415
 Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr
 420 425 430
 Phe Ala Ser Leu Phe Phe Ile Ala Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr
 435 440 445
 Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp
 450 455 460
 Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe
 465 470 475 480
 Ala Val Ile Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn
 485 490 495
 Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu Leu
 500 505 510
 Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu
 515 520 525
 Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile Asn
 530 535 540
 Asn Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser
 545 550 555 560
 Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly
 565 570 575
 Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Ile Trp Ser Val Leu Leu
 580 585 590
 Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Val Met
 595 600 605
 Lys Thr Lys Gly Pro Asp Thr Thr Met Cys Gly Ile Asn Cys
 610 615 620

【0085】配列番号: 12

配列の長さ: 9

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: ペプチド

フラグメント型: internal

配列

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Trp

配列

GAGAGAGAGA GAGAGAGAGA ACTAGTCTCG AGTTTTTTTT TTTTTTTTTT 54

【0087】配列番号: 14

配列の長さ: 13

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸..合成DNA

配列

AATTCGGCAC GAG

【0088】配列番号: 15

1

5

【0086】配列番号: 13

配列の長さ: 54

配列の型: 核酸

鎖の数: 一本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸..合成DNA

配列の特徴

特徴を表す記号:

存在位置: 1..4

特徴を決定した方法: S

他の情報: 一本鎖

50 配列の長さ: 20

65

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

配列

GACTGAAGAT AAGCCAAAAG

【0089】配列番号：16

配列の長さ：19

配列の型：核酸

配列

GGAATGATGA ATTTGCCGG

【0090】配列番号：17

配列の長さ：20

配列の型：核酸

配列

TGCAGGCAAC TTTGGCATGC

【0091】配列番号：18

配列の長さ：30

配列の型：核酸

配列

AGCAACACGA GCAAGATGAG GAGGATGACT

【0092】配列番号：19

配列の長さ：28

配列の型：核酸

配列

CCGGATCCTT CAACCCITCT TCGATTTC

【0093】配列番号：20

配列の長さ：29

配列の型：核酸

配列

CCGGATCCAC GGCAATGCAT CTTGAAACC

【0094】配列番号：21

配列の長さ：17

配列の型：核酸

配列

GGTTAGCATA TTGTTTGTAG CATTGGG

【0095】配列番号：22

配列の長さ：17

配列の型：核酸

配列

ATCAATGAAA TATGTATAGT TCATAGC

【0096】配列番号：23

配列の長さ：17

配列の型：核酸

配列

CTTTCGTTCT TTTGGTTTTG CCATGGC

【0097】配列番号：24

配列の長さ：17

配列の型：核酸

配列

AGACTTTTAA CAAACAAGAT AAATCCC

【図面の簡単な説明】

66

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

20

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

19

10 鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

20

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

30

20 鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

28

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

29

30 鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

17

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

17

40 鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

17

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸..合成DNA

17

2つのクローンの関係を示す図。矢印で挟まれた領域は塩基配列を決定した領域を、点線は塩基配列未決定の領域を表す。

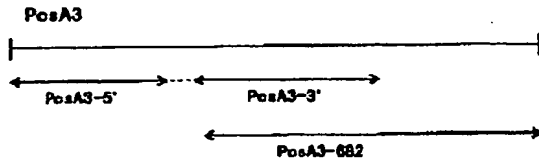
【図2】 EcoRIアダプターの構造を示す図。

【図3】 PcsA3-682とPcsA3-3'の配

列を比較した図(前半)。

【図4】 PcsA3-682とPcsA3-3'の配列を比較した図(後半)。「:」は一致する塩基を、「*」は一致しない塩基を表す。

【図1】



【図2】

5' AATTTCGGCAGAG 3' ---
3' GCCGTGCTC 5' ---

【図4】

	550	560	570	580	590	600
PcsA3-682	GGCCCTGTATATGTCGGCAGGGGTGTGTTTTTCAGAAAGCAAGCTCTTTATGGTTATGAA					
PcsA3-3'	GGCCCTGTATATGTCGGCAGGGGTGTGTTTTTCAGAAAGCAAGCTCTTTATGGTTATGAA					
	560	570	580	590	600	610
PcsA3-682	CCTCCAAAGGACCTAAGCGCCGAAAAATGGTAACCTGTGGTTGCTGCCCTTGTGTTTGG					
PcsA3-3'	CCTCCAAAGGACCTAAGCGCCGAAAAATGGTAACCTGTGGTTGCTGCCCTTGTGTTTGG					
	620	630	640	650	660	670
PcsA3-682	CGCCGCAGAAAGGACAAAAAGCACTCTAAGGATGGTGGAAATGCAATGGTCTAAGCCTA					
PcsA3-3'	CGCCGCAGAAAGGACAAAAAGCACTCTAAGGATGGTGGAAATGCAATGGTCTAAGCCTA					
	680	690	700	710	720	730
PcsA3-682	GAAGCAGCCAAAGATGACAAGGAGTTATTGATGTCCACATGAACTTTGAAAAGAAATTT					
PcsA3-3'	GAAGCAGCCAAAGATGACAAGGAGTTATTGATGTCCACATGAACTTTGAAAAGAAATTT					
	740	750	760	770	780	790
PcsA3-682	GGACAATCAGCCATTTTGTAACTTCAAGACTGATGGAACAAGGTGGTGTCCCTCCTTCT					
PcsA3-3'	GGACAATCAGCCATTTTGTAACTTCAAGACTGATGGAACAAGGTGGTGTCCCTCCTTCT					
	800	810	820	830	840	850
PcsA3-682	TCAAGCCCGCAGCTTTGCTCAAAGAAGCCATTGATGTAATTAATTGTGGTTATGAAGAC					
PcsA3-3'	TCAAGCCCGCAGCTTTGCTCAAAGAAGCCATTGATGTAATTAATTGTGGTTATGAAGAC					
	860	870	880	890	900	910
PcsA3-682	AAAACAGAATGGGGAAGCGAGCTTGGCTGGATTTACGGCTCGATTACAGAAGATATCTTA					
PcsA3-3'	AAAACAGAATGGGGAAGCGAGCTTGGCTGGATTTACGGCTCGATTACAGAAGATATCTTA					
	920	930	940	950	960	970
PcsA3-682	ACAGGATTCAAGATGCATTGCCGTGGAT					
PcsA3-3'	ACAGGTTTCAAGATGCATTGCCGTGGAT					
	980	990	1000			

【 図 3 】

	10	20	30	40	50	60
PcsA3-682	CCGACATTCTGTAAAGGAGCGTCGAGCTATGAAGAGAGAATATGAAGAATTCAGGTTAAG					
PcsA3-3'	CCGACATTCTGTAAAGGAGCGTCGAGCTATGAAGAGAGAATATGAAGAATTCAGGTTAAG					
	20	30	40	50	60	70
PcsA3-682	ATAAATGCACTTGTAGCCAAAGCCCAAAAGGTTCCCTCCAGAAGGTTGGATCATGCAAGAT					
PcsA3-3'	ATAAATGCACTTGTAGCCAAAGCCCAAAAGGTTCCCTCCAGAAGGTTGGATCATGCAAGAT					
	80	90	100	110	120	130
PcsA3-682	GGGACACCATGGCCAGGAAACAATACTAAAGATCAGCGTGGTATGATTCAAGTATTTCGT					
PcsA3-3'	GGGACACCATGGCCAGGAAACAATACTAAAGATCAGCGTGGTATGATTCAAGTATTTCGT					
	140	150	160	170	180	190
PcsA3-682	GGTCAAAGTGGAGGCCATGATACCGAAGGAAATGAGCTTCCTCGTCTCGTCTATGTATCT					
PcsA3-3'	GGTCAAAGTGGAGGCCATGATACCGAAGGAAATGAGCTTCCTCGTCTCGTCTATGTATCT					
	200	210	220	230	240	250
PcsA3-682	CGAGAGAAAAGGCCCTGGTTTCTTGCATCACAAGAAAAGCTGGTGGCATGAAGGCCCTTGTT					
PcsA3-3'	CGAGAGAAAAGGCCCTGGTTTCTTGCATCACAAGAAAAGCTGGTGGCATGAAGGCCCTTGTT					
	260	270	280	290	300	310
PcsA3-682	CGGGTCTCGGGGCTGCTCAGAAATGCTCCTTTTATGTTGAAGTTGATTGTGACCATAT					
PcsA3-3'	CGTGTCTCGGGGCTGCTTACAAATGCTCCTTTTATGTTGAAGTTGATTGTGACCATAT					
	320	330	340	350	360	370
PcsA3-682	TAAATAACAGCAAGGCTGTAAGAGAGGCTATGTGTTTCTTGATGGAGCGTCAAATTGGA					
PcsA3-3'	TAAATAACAGCAAGGCTGTAAGAGAGGCTATGTGTTTCTTGATGGAGCGTCAAATTGGA					
	380	390	400	410	420	430
PcsA3-682	AGAAAGGTTTGTATGTCCAATTCCTCAACGTTTGGATGGTATTGATAGACATGATCGA					
PcsA3-3'	AGAAAGGTTTGTATGTCCAATTCCTCAACGTTTGGATGGTATTGATAGACATGATCGA					
	440	450	460	470	480	490
PcsA3-682	TATGCCAATCGGAACACAGTTTCTTTGATATTAACATGAAAGGTGTAGATGGTATACAA					
PcsA3-3'	TATGCCAATCGGAACACAGTTTCTTTGATATTAACATGAAAGGTGTAGATGGTATACAA					
	500	510	520	530	540	550

フロントページの続き

(51) Int. Cl. °

9/10

// (C12N 15/09

C12R 1:91)

識別記号

庁内整理番号

F I

C12N 5/00

技術表示箇所

B

(72)発明者 青塚 聡
東京都足立区西新井栄町 1 - 18 - 1 日
清紡績株式会社東京研究センター内

(72)発明者 林 隆久
京都府宇治市五ヶ庄官有地京都大学宿舍 5
44号

(72)発明者 井原 由理
大阪府高石市東羽衣 1 丁目 5 - 33

THIS PAGE BLANK (USPTO)